

09/890688

06.12.00

JP 00/8631
U日本国特許庁
PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

REC'D 05 FEB 2001

V.0

PCT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日

Date of Application:

2000年 2月10日

出願番号

Application Number:

特願2000-034091

出願人

Applicant (s):

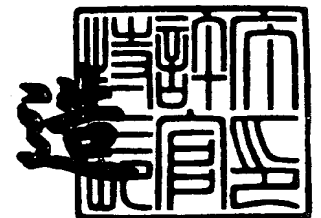
科学技術振興事業団

**PRIORITY
DOCUMENT**
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2001年 1月19日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

及川耕造



出証番号 出証特2000-3113306

【書類名】 特許願

【整理番号】 NP00040-YS

【提出日】 平成12年 2月10日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C07H 21/00
C07K 14/00

【発明の名称】 ヒト蛋白質と c D N A [5]

【請求項の数】 7

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松 3 - 4 6 - 5 0

 【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県相模原市麻溝台 8 - 3 0 - 2
 C L L エクセレンス麻溝台 I 3 0 4 号

 【氏名】 江口 睦志

【特許出願人】

 【識別番号】 396020800

 【氏名又は名称】 科学技術振興事業団

【代理人】

 【識別番号】 100093230

 【弁理士】

 【氏名又は名称】 西澤 利夫

 【電話番号】 03-5454-7191

【手数料の表示】

 【予納台帳番号】 009911

 【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

 【物件名】 明細書 1

 【物件名】 図面 1

特 2 0 0 0 - 0 3 4 0 9 1

【物件名】 要約書 1
【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 ヒト蛋白質と cDNA [5]

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18 または 20 いずれかのアミノ酸配列を有する精製ヒト蛋白質。

【請求項 2】 請求項 1 の蛋白質をコードする DNA 断片。

【請求項 3】 請求項 1 の蛋白質をコードするヒト cDNA であって、1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 の翻訳領域の塩基配列を有する DNA 断片。

【請求項 4】 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 のいずれかの塩基配列からなる請求項 3 の DNA 断片。

【請求項 5】 請求項 2 から 4 のいずれかの DNA 断片をインビトロ翻訳あるいは宿主細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項 6】 請求項 5 の発現ベクターによる形質転換体であって、請求項 1 の蛋白質を生産しうる形質転換細胞。

【請求項 7】 請求項 1 記載の蛋白質に対する抗体。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

この出願の発明は、精製ヒト蛋白質、この蛋白質をコードしている DNA 断片、この DNA 断片の発現ベクター、この発現ベクターにより形質転換した各種の細胞、およびこの蛋白質に対する抗体に関するものである。この発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、この蛋白質は、細胞内蛋白質ネットワークを解明するための研究試薬として、あるいは低分子医薬と結合する蛋白質をスクリーニングするための蛋白質源として用いることができる。この発明のヒト cDNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この cDNA がコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの DNA をインビトロ翻訳あるいは宿主細胞内で発現

しうる発現ベクターは、この発明の蛋白質をインビトロであるいは各種の宿主細胞内で生産するのに用いることができる。これらの遺伝子を導入して蛋白質を過剰発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。この発明の蛋白質に対する抗体は、蛋白質を精製するための手段、あるいは細胞内における蛋白質の発現量や局在部位を調べるのに用いられる。

【 0 0 0 2 】

【従来の技術】

ヒト蛋白質は、我々の身体を構成している細胞の基本要素である。その中には、（１）細胞の形態を維持したり、細胞内の物質輸送や細胞運動に関わっている細胞骨格蛋白質、（２）細胞内の物質代謝に関与する代謝酵素、（３）エネルギー産生に関わる蛋白質、（４）細胞の増殖・分裂に関わる情報伝達蛋白質、（５）蛋白質の合成に関わる翻訳関連蛋白質、（６）蛋白質の分解に関わるプロテアーゼ関連蛋白質、（７）ゲノムの複製に関与する蛋白質、（８）遺伝子の転写に関与する転写因子、（９）mRNAのスプライシングに関与する核蛋白質などが含まれる。これらの蛋白質は、ヒト細胞の働きを解明する上で重要であるのみならず、医薬品の開発においても有用である。これまで知られている低分子化合物医薬の多くは、細胞内のある特定の蛋白質と結合し、その蛋白質の働きを増強したり、阻止したりすることによって、その薬効を表す。したがって、一揃いのヒト蛋白質を持っていれば、これらの低分子医薬をスクリーニングする際の有力な道具となる。

【 0 0 0 3 】

従来、ヒト蛋白質を得るには、ヒト組織や培養細胞をすりつぶした後、各種の分離法を組み合わせることで単一の蛋白質を精製する方法がとられてきた。これまで知られている蛋白質のように、含有量が高く、活性が分かっているものは、従来の方法で容易に単離精製できるが、まだ解析されていない蛋白質の多くは含量が低く、かつその性質によっては単離するのが困難である。また、ヒト組織の多くは入手困難である。したがって、従来のように蛋白質を単離精製する方法では、ヒト蛋白質を全てそろえることは不可能に近い。

【0004】

一方、ヒト蛋白質の構造情報は、ヒトゲノムDNAに書かれているので、この情報をすべて読み取れば、全ヒト蛋白質の一次構造を推定することができる。ヒトゲノムプロジェクトの目的の一つはここにある。ただ、ゲノム解読の結果得られるのは、DNA配列情報だけであり、蛋白質そのものは得られない。細胞内では、ゲノムの情報はまずmRNAに転写され、mRNAの配列情報を翻訳して蛋白質が合成される。したがって、このmRNAを鋳型にして作製したcDNAが合成できれば、このcDNAを用いて対応する蛋白質も合成することが可能となる。そこで、各種細胞から単離したmRNAを鋳型にして、cDNAを合成し、cDNAの部分塩基配列を決定するいわゆるESTプロジェクトが進行している。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】

蛋白質の取得を目的とする場合、cDNAに要求される必須要件は、蛋白質の翻訳領域を全て含んでいること、いわゆる完全長cDNAであることである。しかしながら、従来法で合成したcDNAは、完全長である割合は低く、得られたものが完全長かどうかを判定することも困難である。すなわち、ESTとして知られているものの多くは蛋白質の翻訳領域の一部のみ含んでいるcDNA断片である。

【0006】

これに対して、この出願の発明者らは、独自の完全長cDNA合成技術を完成させている(Kato, S. et al., Gene 150:243-250, 1994)。そしてこの技術で合成したヒト完全長cDNAクローンを解析することにより、ヒト蛋白質を完全長cDNAの形で取得することが可能となった。この技術を用いてヒト完全長cDNAをすべてクローン化し、ヒト蛋白質バンクを作製することが望まれている。

【0007】

また、これまでのヒト疾患に関する研究の結果、ほとんどの病気は何らかの形で遺伝子に異常があるために引き起こされることが明らかになりつつある。これ

らの病気を治療するためには、異常な遺伝子の代わりに正常な遺伝子を導入する遺伝子治療が有望視されている。この際も、ヒトの完全長 cDNA は、遺伝子治療用の遺伝子源として用いることができる。

【0008】

この出願の発明は、以上のとおりの事情に鑑みてなされたものであって、新規の精製ヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA 断片、この DNA 断片の発現ベクター、この発現ベクターにより形質転換された細胞およびこの蛋白質に対する抗体を提供することを課題としている。

【0009】

【課題を解決するための手段】

この出願は、前記の課題を解決するものとして、以下の(1)～(7)の発明を提供する。

- (1) 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18 または 20 いずれかのアミノ酸配列を有する精製ヒト蛋白質。
- (2) 前記発明(1)の蛋白質をコードする DNA 断片。
- (3) 前記発明(1)の蛋白質をコードするヒト cDNA であって、1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 の翻訳領域の塩基配列を有する DNA 断片。
- (4) 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 のいずれかの塩基配列からなる前記発明(3)の DNA 断片。
- (5) 前記発明(2)から(4)のいずれかの DNA 断片をインビトロ翻訳あるいは宿主細胞内で発現しうる発現ベクター。
- (6) 前記発明(5)の発現ベクターによる形質転換体であって、前記発明(1)の蛋白質を生産しうる形質転換細胞。
- (7) 前記発明(1)の蛋白質に対する抗体。

【0010】

【発明の実施の形態】

前記発明(1)の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、この出願によって提供されるアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製す

る方法、あるいは前記発明(2)～(4)のDNA断片を用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、前記発明(3)または(4)のDNA断片(cDNA)を有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベクターに組換えることにより、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞、植物細胞等の真核細胞で、DNA断片がコードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【 0 0 1 1 】

前記発明(1)の蛋白質をインビトロ翻訳でDNA断片を発現させて生産させる場合には、例えば前記発明(3)または(4)のDNA断片の翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加すれば、前記発明(1)の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。

【 0 0 1 2 】

前記発明(1)の蛋白質を大腸菌などの微生物でDNA断片を発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、DNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、例えば前記発明(3)または(4)のDNA断片の翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養すれば、このDNA断片がコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部

分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

【0013】

前記発明(1)の蛋白質を、真核細胞でDNA断片を発現させて生産させる場合には、例えば前記発明(3)または(4)のDNA断片の翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入すれば、前記発明(1)の蛋白質を真核細胞内で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。また、pIND/V5-His、pFLAG-CMV-2、pEGFP-N1、pEGFP-C1などを発現ベクターとして用いれば、Hisタグ、FLAGタグ、GFPなど各種タグを付加した融合蛋白質として発現させることもできる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、前記発明(1)の蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0014】

前記発明(1)の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせる行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0015】

前記発明(1)の蛋白質には、配列番号2、4、6、8、10、12、14、1

6、18または20のアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列からなるペプチド断片（5アミノ酸残基以上）も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、前記発明(1)の蛋白質の多くは、翻訳された後、細胞内で各種修飾を受ける。したがって、これらの修飾された蛋白質も前記発明(1)の蛋白質の範囲に含まれる。このような翻訳後修飾としては、N末端メチオニンの脱離、N末端アセチル化、糖鎖付加、細胞内プロテアーゼによる限定分解、ミリスチル化、イソプレニル化、リン酸化などが例示できる。

【0016】

前記発明(2)～(4)のDNA断片には、前記(1)の蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNA断片は、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法、ヒトゲノムライブラリーをスクリーニングする方法などを用いて取得することができる。

【0017】

前記発明(3)または(4)のDNA断片（cDNA）は、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法（Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170, 1982）、Gubler-Hoffman法（Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269, 1983）などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法（Kato, S. et al., Gene 150:243-250, 1994）を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから目的のcDNAをクローン化するには、この出願によって提供される前記発明(3)または(4)のcDNA（配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17または19）の任意部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオ

リボヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離した mRNA から RT-PCR 法により、前記発明 (3) または (4) の cDNA 断片を調製することもできる。

【 0 0 1 8 】

前記発明 (3) の DNA 断片は、配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 の翻訳領域 (Open Reading Frame: ORF) の塩基配列を有する cDNA であり、前記発明 (4) の DNA 断片は、配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 のいずれかの塩基配列からなる cDNA である。それぞれのクローン番号 (HP 番号)、cDNA クローンが得られた細胞、cDNA の全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表 1 にまとめて示した。

【 0 0 1 9 】

【表 1】

配列番号	HP 番号	細胞	塩基数	アミノ酸残基数
1, 2	HP03090	KB	1763	298
3, 4	HP03115	KB	1913	358
5, 6	HP03145	KB	1520	371
7, 8	HP03185	HT-1080	1731	372
9, 10	HP03324	U937	910	225
11, 12	HP10052	HT-1080	784	114
13, 14	HP10626	KB	984	140
15, 16	HP10633	HT-1080	864	85
17, 18	HP10637	HT-1080	2617	579
19, 20	HP10648	KB	1810	360

【 0 0 2 0 】

なお、配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 のいずれかの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、表 1 に示したヒト細胞株やヒト組織から作製した cDNA ライブラリーをスクリー

ニングすることにより、前記発明(3)および(4)の cDNA と同一のクローンを容易に得ることができる。

【 0 0 2 1 】

また、一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号 1 1 から 3 0 において、1 または複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／または他のヌクレオチドによる置換がなされている cDNA もこの発明の範囲に含まれる。

【 0 0 2 2 】

同様に、これらの変更によって生じる 1 または複数個のアミノ酸の付加、欠失および／または他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号 1 から 1 0 のアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、この発明の範囲に含まれる。

【 0 0 2 3 】

前記発明 (3) および(4)の DNA 断片には、配列番号 1 1 から 3 0 の塩基配列のいかなる部分塩基配列からなる DNA 断片 (10bp 以上) も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなる DNA 断片もこの範囲に含まれる。これらの DNA 断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【 0 0 2 4 】

前記発明(7)の抗体は、前記発明(1)の蛋白質を抗原として用いて動物を免疫した後、血清から得ることが出来る。抗原としては配列番号 1 から 1 0 のアミノ酸配列に基づいて化学合成したペプチドや、真核細胞や原核細胞で発現させた蛋白質を用いることが出来る。あるいは、上記の真核細胞用発現ベクターを注射や遺伝子銃によって、動物の筋肉や皮膚に導入した後、血清を採取することによって作製することができる(例えば、特開平 7 - 3 1 3 1 8 7 号公報記載の方法)。動物としては、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ニワトリなどが用いられる。免疫した動物の脾臓から採取した B 細胞をミエローマと融合させてハイブリドーマを作製すれば、前記発明(1)の蛋白質に対するモノクローナル抗体を産生することができる。

【 0 0 2 5 】

【実施例】

次に実施例を示してこの出願の発明をさらに詳細かつ具体的に説明するが、この出願の発明は以下の例によって限定されるものではない。なお、以下の実施例において、DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献（"Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989）の記載に方従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合は宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献（Kato, S. et al., Gene 150:243-250, 1994）の記載に従った。

実施例1：cDNAクローニング

cDNAライブラリーとして、ヒト完全長cDNAライブラリー（WO97/33993、WO98/11217、WO98/21328記載）を用いた。個々のライブラリーから完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行った。得られたクローン（A）～（J）の詳細は以下のとおりである。

（A） HP03090

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP03090のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、25bpの5' 非翻訳領域、897bpのORF、841bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号1）。ORFは298アミノ酸残基（配列番号2）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量33,212とほぼ同じ34kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

【0026】

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質32.0kDa（アクセション番号Q09253）と類似性を有していた。図1に、クローン（A）がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質32.0kDaのアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、48.6%の相同性を有していた。また、この

蛋白質の7番目のロイシンから始まるC末端292アミノ酸残基は、ヒトCGI-150蛋白質（アクセション番号AAD34145）の213番目のロイシンから始まるC末端アミノ酸残基と一致した。

【0027】

また、クローン（A）cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H06942）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（A）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（B） HP03115

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP03115のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、302bpの5'非翻訳領域、1077bpのORF、534bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号3）。ORFは358アミノ酸残基（配列番号4）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,275とほぼ同じ39kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞質に粒子状の発現が認められた（実施例4）。

【0028】

この蛋白質のアミノ酸配列の中には、C3HC4型の亜鉛フィンガー（RINGフィンガー）モチーフが存在した（42番目のシステインから51番目のアラニン）。

【0029】

また、クローン（B）cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA428229）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（B）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（C） HP03145

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP03145のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、31bpの5'非

翻訳領域、1116bpのORF、373bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号5）。ORFは371アミノ酸残基（配列番号6）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,463とほぼ同じ41kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、ゴルジ体や小胞体に局在が認められた（実施例4）。

【0030】

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、分裂酵母ミトコンドリアパラヒドロキシベンゾエートポリプレニルトランスフェラーゼ様蛋白質（アクセシオン番号Q10252）と類似性を有していた。図2に、クローン（C）がコードするヒト蛋白質と、分裂酵母ミトコンドリアパラヒドロキシベンゾエートポリプレニルトランスフェラーゼ様蛋白質のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端を除く全領域にわたって、46.4%の相同性を有していた。また、この蛋白質の198番目のメチオニンから317番目のグルタミンまでの120アミノ酸残基は、ヒト仮想蛋白質（アクセシオン番号AAC72955）のN末端アミノ酸残基と一致した。

【0031】

また、クローン（C）cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号N94036）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（C）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（D） HP03185

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP03185のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、182bpの5'非翻訳領域、1119bpのORF、430bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号7）。ORFは372アミノ酸残基（配列番号8）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、O

R F から予想される分子量 4 0, 0 3 3 よりやや大きい 4 4 k D a の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、核や核小体に局在が認められた（実施例 4）。

【 0 0 3 2 】

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトヒストンマクロ H 2 A 1. 2（アクセション番号 A A C 3 3 4 3 3）と類似性を有していた。図 3 に、クローン（D）がコードするヒト蛋白質と、ヒトヒストンマクロ H 2 A 1. 2 のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、6 7. 5 % の相同性を有していた。ヒストンは染色体 D N A と複合体を形成し、遺伝子発現の調節に参与している。

【 0 0 3 3 】

また、クローン（D）c D N A の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、9 0 % 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 A I 8 7 8 9 3 3）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（D）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（E） H P 0 3 3 2 4

ヒトリンホーマ細胞株 U 9 3 7 c D N A ライブラリーから得られたクローン H P 0 3 3 2 4 の c D N A インサートの全塩基配列を決定したところ、2 0 b p の 5' 非翻訳領域、6 7 8 b p の O R F、2 1 2 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 9）。O R F は 2 2 5 アミノ酸残基（配列番号 1 0）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、O R F から予想される分子量 2 4, 4 1 5 とほぼ同じ 2 5 k D a の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、ミトコンドリアに局在が認められた（実施例 4）。

【 0 0 3 4 】

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、細菌リボソーム蛋白質 L 2（アクセション番号 A A D 3 6 5 6 3）と類似性を有していた。図 4 に、クローン（E）がコードするヒト蛋白質と、細菌リボソ-

ム蛋白質 L2 のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊はこの発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。中間部 1 3 5 アミノ酸残基にわたって、4 4 . 4 % の相同性を有していた。また、この蛋白質の N 末端 2 1 1 アミノ酸残基は、ヒト CGI - 2 2 蛋白質（アクセシオン番号 A A D 2 7 7 3 1）の N 末端と 9 9 . 1 % の相同性を有していた。

【0 0 3 5】

また、クローン（E）cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、9 0 % 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 R 7 2 3 7 6）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（E）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（F） HP 1 0 0 5 2

ヒトフィブロサルコーマ細胞株 H T - 1 0 8 0 cDNA ライブラリーから得られたクローン H P 1 0 0 5 2 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、1 5 5 b p の 5' 非翻訳領域、3 4 5 b p の O R F、2 8 4 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号 1 1）。O R F は 1 1 4 アミノ酸残基（配列番号 1 2）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、O R F から予想される分子量 1 1, 7 7 0 より大きい 1 7 k D a の翻訳産物が生成した（実施例 2）。この蛋白質と G F P との融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例 4）。

【0 0 3 6】

クローン（F）cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、9 0 % 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 A I 8 1 5 4 8 9）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（F）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（G） HP 1 0 6 2 6

ヒト類表皮癌細胞株 K B cDNA ライブラリーから得られたクローン H P 1 0 6 2 6 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、3 4 7 b p の 5' 非翻訳領域、4 2 3 b p の O R F、2 1 4 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を

有していた（配列番号13）。ORFは140アミノ酸残基（配列番号14）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量14,555とほぼ同じ14kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核に発現が認められた（実施例4）。

【0037】

クローン（G）cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA234649）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（G）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（H） HP10633

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10633のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、356bpの5'非翻訳領域、258bpのORF、250bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号15）。ORFは85アミノ酸残基（配列番号16）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量9,771とほぼ同じ10kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、細胞全体に発現が認められた（実施例4）。

【0038】

クローン（H）cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R73005）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（H）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（I） HP10637

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10637のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、120bpの5'非翻訳領域、1740bpのORF、757bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号17）。ORFは579アミノ酸残基（配列番号18）からなる蛋白質をコードしていた。この蛋白質とGFPと

の融合蛋白質は、細胞全体に認めら、中には粒状の凝集塊も認められた（実施例 4）。

【 0 0 3 9 】

クローン（I）cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号A1929698）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（I）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

（J） HP10648

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10648のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、38bpの5' 非翻訳領域、1083bpのORF、689bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた（配列番号19）。ORFは360アミノ酸残基（配列番号20）からなる蛋白質をコードしており、インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40, 211より大きい50kDaの翻訳産物が生成した（実施例2）。この蛋白質とGFPとの融合蛋白質は、核に局在が認められた（実施例4）。

【 0 0 4 0 】

この蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質Y40B1B. 7（アクセシオン番号CAA21606）と類似性を有していた。図5に、クローン（J）がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質Y40B1B. 7のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*この発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. はこの発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側111アミノ酸残基が、43. 2%の相同性を有していた。

【 0 0 4 1 】

また、クローン（J）cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号W39612）が登録されていたが、部分配列なのでクローン（J）がコードする蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

実施例2：インビトロ翻訳による蛋白質合成

実施例1で単離したcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、 T_N Tウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 $[^{35}\text{S}]$ メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。

【0042】

具体的な方法は次のとおりである。プラスミド $2\mu\text{g}$ を、 T_N Tウサギ網状赤血球溶解物 $12.5\mu\text{l}$ 、緩衝液（キットに付属） $0.5\mu\text{l}$ 、アミノ酸混合液（メチオニンを含まない） $2\mu\text{l}$ 、 $[^{35}\text{S}]$ メチオニン（アマーシャム社） $2\mu\text{l}$ （ $0.37\text{MBq}/\mu\text{l}$ ）、 T_7 RNAポリメラーゼ $0.5\mu\text{l}$ 、 RNasin 20U を含む総量 $25\mu\text{l}$ の反応液中で 30°C 、90分間反応させた。反応液 $3\mu\text{l}$ にSDSサンプリングバッファー（ 125mM トリス塩酸緩衝液、 $\text{pH}6.8$ 、 120mM 2-メルカプトエタノール、2%SDS溶液、0.025%ブロモフェノールブルー、20%グリセロール） $2\mu\text{l}$ を加え、 95°C 3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

実施例3：COS7細胞による発現

実施例1で単離したcDNAを保有する発現ベクターによって形質転換した大腸菌を $100\mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリン含有 $2\times\text{YT}$ 培地 2ml 中で 37°C 2時間培養した後、ヘルパーファージM13KO7（ $50\mu\text{l}$ ）を添加し、 37°C で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを $100\mu\text{l}$ の 1mM トリス- 0.1mM EDTA、 $\text{pH}8$ （TE）に懸濁した。

【0043】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル（DMEM）培地中、5% CO_2 存在下、 37°C で培養した。 1×10^5 個のCOS7細胞を6穴プレート（ヌンク社、穴の直径 3cm ）に植え、5% CO_2 存在下、 37°C で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに 50mM トリス塩酸（ $\text{pH}7.5$ ）を含むDMEM（TDMEM）で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液 $1\mu\text{l}$ 、DMEM培地 $0.$

6 ml、TRANSFECTAMTM (IBF社) 3 μ l を懸濁したものを添加し、5 % CO₂ 存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDME Mで細胞表面を洗浄し、10 % ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2 ml 加え、5 % CO₂ 存在下、37℃にて2日間培養した。培地を [³⁵S] シス테인 あるいは [³⁵S] メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、細胞画分の蛋白質をSDS-PAGEにかけた。

実施例4：緑色蛍光蛋白質 (GFP) 融合蛋白質の発現

EcoRI 認識部位を付加した翻訳開始コドンから始まる26merのセンスプライマーとBamHI 認識部位を付加した停止コドンまでを含む26merのアンチセンスプライマーを用い、目的蛋白質をコードするcDNAを鋳型としてPCRにより翻訳領域を増幅した。PCR産物をEcoRIとBamHIで消化し、GFP融合蛋白質発現用ベクターpEGFP-N1 (Clontec社製) のEcoRI-BamHI部位に挿入した。塩基配列を確認した後、得られた融合遺伝子発現ベクターを実施例3に記載の方法によりCOS7細胞にトランスフェクトした。蛍光顕微鏡により緑色蛍光の分布を観察し、目的蛋白質の局在部位を調べた。

実施例5：抗体の作製

EcoRI 認識部位を付加した翻訳開始コドンから始まる26merのセンスプライマーとSalI 認識配列を付加した停止コドンまでを含む26merのアンチセンスプライマーを用い、各cDNAを鋳型としてPCRにより翻訳領域を増幅した。PCR産物をEcoRIとSalIで消化し、pGEX-5X-1 (ファルマシア社製) のEcoRIとSalI部位に挿入した。塩基配列を確認した後、宿主大腸菌JM109の形質転換を行った。LB培地中で37℃、5時間培養し、IPTGを最終濃度が0.4 mMになるように加え、さらに37℃で4時間培養した。菌体を遠心により分離し、溶解溶液 (50 mM Tris-HCl pH7.5、1 mM EDTA、0.2 mM PMF) に溶かし、一度-80℃で凍結させ融解させた後、超音波破碎を行った。10,000 x gで30分遠心し、上清にグルタチオンセファロース4Bを加え、4℃で1時間インキュベートした。

。ビーズを十分洗浄した後、溶出溶液（50 mM Tris-HCl pH 7.5、50 mM グルタチオン）で融合蛋白質を溶出した。得られた融合蛋白質を抗原として家兔に常法により免疫を行い抗血清を得た。抗血清はまず、40%飽和硫酸沈殿画分をGSTアフィニティーカラムによりGST抗体を除いた。素通り画分をさらにGST融合蛋白質の抗原カラムにより精製した。

【0044】

【発明の効果】

以上詳しく説明したとおり、この出願によって、新規な精製ヒト蛋白質、これらの蛋白質をコードしているDNA断片、このDNA断片の発現ベクター、この発現ベクターによる形質転換細胞、およびこの蛋白質に対する抗体が提供される。この出願によって提供される蛋白質は、いずれも細胞内で機能している蛋白質と考えられるため、細胞内ターゲット蛋白質として、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。またこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。この出願によって提供されるDNA断片は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNA断片を用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、この蛋白質の修飾型を得るのに利用できる。この出願によって提供される抗体は、この発明の蛋白質の検出、定量、精製などに利用できる。

【0045】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Japan Science and Technology Corporation

<120> Human Proteins and cDNAs thereof (5)

<130> NP00040-YS

<140>

<141>

<160> 20

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 1763

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26)..(922)

<400> 1

gtgacggctg cgtgcggcgg gaatc atg gct gct cgc aga gct ctg cac ttc 52

Met Ala Ala Arg Arg Ala Leu His Phe

1

5

gta ttc aaa gtg gga aac cgc ttc cag acg gcg cgt ttc tat cgg gac 100

Val Phe Lys Val Gly Asn Arg Phe Gln Thr Ala Arg Phe Tyr Arg Asp

10

15

20

25

gtc ctg ggg atg aag gtt ctg cgg cat gag gaa ttt gaa gaa ggc tgc 148

Val Leu Gly Met Lys Val Leu Arg His Glu Glu Phe Glu Glu Gly Cys

30

35

40

aaa gct gcc tgt aat ggg cct tat gat ggg aaa tgg agt aaa aca atg 196
 Lys Ala Ala Cys Asn Gly Pro Tyr Asp Gly Lys Trp Ser Lys Thr Met
 45 50 55

gtg gga ttt ggg cct gag gat gat cat ttt gtc gca gaa ctg act tac 244
 Val Gly Phe Gly Pro Glu Asp Asp His Phe Val Ala Glu Leu Thr Tyr
 60 65 70

aat tat ggc gtc gga gac tac aag ctt ggc aat gac ttt atg gga atc 292
 Asn Tyr Gly Val Gly Asp Tyr Lys Leu Gly Asn Asp Phe Met Gly Ile
 75 80 85

acg ctc gct tct agc cag gct gtc agc aac gcc agg aag ctg gag tgg 340
 Thr Leu Ala Ser Ser Gln Ala Val Ser Asn Ala Arg Lys Leu Glu Trp
 90 95 100 105

cca ctg acg gaa gtt gca gaa ggt gtt ttt gaa acc gag gcc ccg gga 388
 Pro Leu Thr Glu Val Ala Glu Gly Val Phe Glu Thr Glu Ala Pro Gly
 110 115 120

gga tat aag ttc tat ttg cag aat cgc agt ctg cct cag tca gat cct 436
 Gly Tyr Lys Phe Tyr Leu Gln Asn Arg Ser Leu Pro Gln Ser Asp Pro
 125 130 135

gta tta aaa gta act cta gca gtg tct gat ctt caa aag tcc ttg aac 484
 Val Leu Lys Val Thr Leu Ala Val Ser Asp Leu Gln Lys Ser Leu Asn
 140 145 150

tac tgg tgt aat cta ctg gga atg aaa att tat gaa aaa gat gaa gaa 532

Tyr Trp Cys Asn Leu Leu Gly Met Lys Ile Tyr Glu Lys Asp Glu Glu

155

160

165

aag caa agg gct ttg ctg ggc tat gct gat aac cag tgt aag ctg gag 580

Lys Gln Arg Ala Leu Leu Gly Tyr Ala Asp Asn Gln Cys Lys Leu Glu

170

175

180

185

cta cag ggc gtc aag ggt ggg gtg gac cat gca gca gct ttt gga aga 628

Leu Gln Gly Val Lys Gly Gly Val Asp His Ala Ala Ala Phe Gly Arg

190

195

200

att gcc ttc tct tgc ccc cag aaa gag ttg cca gac tta gaa gac ttg 676

Ile Ala Phe Ser Cys Pro Gln Lys Glu Leu Pro Asp Leu Glu Asp Leu

205

210

215

atg aaa agg gag aac cag aag att ctg act ccc ctg gtg agc ctg gac 724

Met Lys Arg Glu Asn Gln Lys Ile Leu Thr Pro Leu Val Ser Leu Asp

220

225

230

acc cca ggg aaa gca aca gta cag gtg gtc att ctg gcc gac cct gac 772

Thr Pro Gly Lys Ala Thr Val Gln Val Val Ile Leu Ala Asp Pro Asp

235

240

245

gga cat gaa att tgc ttt gtc ggg gat gaa gca ttt cga gaa ctt tct 820

Gly His Glu Ile Cys Phe Val Gly Asp Glu Ala Phe Arg Glu Leu Ser

250

255

260

265

aag atg gat cca gag gga agc aaa ttg ttg gat gat gca atg gca gca 868

Lys Met Asp Pro Glu Gly Ser Lys Leu Leu Asp Asp Ala Met Ala Ala

270

275

280

gat aaa agt gac gag tgg ttt gcc aaa cac aat aaa ccc aaa gct tca 916

Asp Lys Ser Asp Glu Trp Phe Ala Lys His Asn Lys Pro Lys Ala Ser

285

290

295

ggt taa cggaagacat gatgcagagc aagcctctgt gattcctgcc cagcacctgt 972

Gly

gaggcctgac gtgtcagttc ccaataaatg ctcttctgat ttgtttcccg tacaggcaag 1032

gaggcttggg tagtgcagat ttgtgtatct caatctttga aagctctgat gtaatttaga 1092

aatgaaatcc aatcatgagt ccaggtagag aacgcctgct gtaatctaca ctgttgctgg 1152

gactgcgcat tctgtatata actgtgttgg atgagtgaca gatgattgtc cagactagga 1212

cagcggcatg aacatgactt tggttgggat tgcggatagt tagggttacc tctgaatcgt 1272

gtagctttta tgagagcagc tgtgcaagtg aatccacatt aatgccttgt cgtggtgcca 1332

ttcccagcgc ctgacgatac gctcttctat tgtcttattc tggcaggttt tgacgtttta 1392

aattttttta agaaatttta ttccttggac caaaagggtt ggtaaccac cccctctta 1452

cttgctttca cattttgagt gtccagagga aacagaaagg aatgagtgtg tgacgttgct 1512

gcacgcctga ctctgtgcga gcttctttct gtgtatatat ttgttttat ttttttccgt 1572

gtatattttt aatcccgaca gaacatcatg tgagatttct ttaaaatgga ttaaacgatt 1632

tcttcagcct gaaaaaaaaag gttttgaaaa tgttttcttg tagttttggtt tggtttctaaa 1692

caacaaatag gttttaatca ctcgaaatgg aattatattg tgtattcatt gaataaatTT 1752

tttttgaaag t 1763

<210> 2

<211> 298

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met	Ala	Ala	Arg	Arg	Ala	Leu	His	Phe	Val	Phe	Lys	Val	Gly	Asn	Arg
1					5						10				15
Phe	Gln	Thr	Ala	Arg	Phe	Tyr	Arg	Asp	Val	Leu	Gly	Met	Lys	Val	Leu
			20					25						30	
Arg	His	Glu	Glu	Phe	Glu	Glu	Gly	Cys	Lys	Ala	Ala	Cys	Asn	Gly	Pro
			35				40						45		
Tyr	Asp	Gly	Lys	Trp	Ser	Lys	Thr	Met	Val	Gly	Phe	Gly	Pro	Glu	Asp
			50				55					60			
Asp	His	Phe	Val	Ala	Glu	Leu	Thr	Tyr	Asn	Tyr	Gly	Val	Gly	Asp	Tyr
			65				70				75			80	
Lys	Leu	Gly	Asn	Asp	Phe	Met	Gly	Ile	Thr	Leu	Ala	Ser	Ser	Gln	Ala
							85				90			95	
Val	Ser	Asn	Ala	Arg	Lys	Leu	Glu	Trp	Pro	Leu	Thr	Glu	Val	Ala	Glu
							100				105			110	

Gly Val Phe Glu Thr Glu Ala Pro Gly Gly Tyr Lys Phe Tyr Leu Gln			
115	120	125	
Asn Arg Ser Leu Pro Gln Ser Asp Pro Val Leu Lys Val Thr Leu Ala			
130	135	140	
Val Ser Asp Leu Gln Lys Ser Leu Asn Tyr Trp Cys Asn Leu Leu Gly			
145	150	155	160
Met Lys Ile Tyr Glu Lys Asp Glu Glu Lys Gln Arg Ala Leu Leu Gly			
165	170	175	
Tyr Ala Asp Asn Gln Cys Lys Leu Glu Leu Gln Gly Val Lys Gly Gly			
180	185	190	
Val Asp His Ala Ala Ala Phe Gly Arg Ile Ala Phe Ser Cys Pro Gln			
195	200	205	
Lys Glu Leu Pro Asp Leu Glu Asp Leu Met Lys Arg Glu Asn Gln Lys			
210	215	220	
Ile Leu Thr Pro Leu Val Ser Leu Asp Thr Pro Gly Lys Ala Thr Val			
225	230	235	240
Gln Val Val Ile Leu Ala Asp Pro Asp Gly His Glu Ile Cys Phe Val			
245	250	255	
Gly Asp Glu Ala Phe Arg Glu Leu Ser Lys Met Asp Pro Glu Gly Ser			
260	265	270	
Lys Leu Leu Asp Asp Ala Met Ala Ala Asp Lys Ser Asp Glu Trp Phe			
275	280	285	
Ala Lys His Asn Lys Pro Lys Ala Ser Gly			
290	295		

<210> 3

<211> 1913

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (303)..(1379)

<400> 3

aacagtgcta cccacagagt gaacaagaga gagtcatttg ggaaacaaaa ggagaatttt 60

acagagagag agggatagct aaaactacgt gaggctggcg aggggtgcaga gcagaaaagta 120

gagactgtcc gaagactgct atctgggacg agacaagttg ttaaaggac aggagagaaa 180

gcagagctat ttcaagagtg agccacagaa gggaatccag aggccatcta agcgaggaag 240

ggctctacagg cagtgagtga aggccaggag cagggcccag gccaggcacg accaccgagg 300

gg atg aac ttc aca gtg ggt ttc aag ccg ctg cta ggg gat gca cac 347

Met Asn Phe Thr Val Gly Phe Lys Pro Leu Leu Gly Asp Ala His

1 5 10 15

agc atg gac aac ctg gag aag cag ctc atc tgc ccc atc tgc ctg gag 395

Ser Met Asp Asn Leu Glu Lys Gln Leu Ile Cys Pro Ile Cys Leu Glu

20 25 30

atg ttc tcc aaa cca gtg gtg atc ctg ccc tgc caa cac aac ctg tgc 443

Met Phe Ser Lys Pro Val Val Ile Leu Pro Cys Gln His Asn Leu Cys

35 40 45

cgc aaa tgt gcc aac gac gtc ttc cag gcc tcg aat cct cta tgg cag 491

Arg Lys Cys Ala Asn Asp Val Phe Gln Ala Ser Asn Pro Leu Trp Gln

50

55

60

tcc cgg ggc tcc acc act gtg tct tca gga ggc cgt ttc cgc tgc cca 539

Ser Arg Gly Ser Thr Thr Val Ser Ser Gly Gly Arg Phe Arg Cys Pro

65

70

75

tcg tgc agg cat gag gtt gtc ctg gac aga cac ggt gtc tac ggc ctg 587

Ser Cys Arg His Glu Val Val Leu Asp Arg His Gly Val Tyr Gly Leu

80

85

90

95

cag cga aac ctg cta gtg gag aac att atc gac att tac aag cag gag 635

Gln Arg Asn Leu Leu Val Glu Asn Ile Ile Asp Ile Tyr Lys Gln Glu

100

105

110

tca tcc agg ccg ctg cac tcc aag gct gag cag cac ctc atg tgc gag 683

Ser Ser Arg Pro Leu His Ser Lys Ala Glu Gln His Leu Met Cys Glu

115

120

125

gag cat gaa gaa gag aag atc aat att tac tgc ctg agc tgt gag gtg 731

Glu His Glu Glu Glu Lys Ile Asn Ile Tyr Cys Leu Ser Cys Glu Val

130

135

140

ccc acc tgc tct ctc tgc aag gtc ttc ggt gcc cac aag gac tgt gag 779

Pro Thr Cys Ser Leu Cys Lys Val Phe Gly Ala His Lys Asp Cys Glu

145

150

155

gtg gcc cca ctg ccc acc att tac aaa cgc cag aag agt gag ctc agc 827
 Val Ala Pro Leu Pro Thr Ile Tyr Lys Arg Gln Lys Ser Glu Leu Ser
 160 165 170 175

gat ggc atc gcg atg ctg gtg gca ggc aat gac cgc gtg caa gca gtg 875
 Asp Gly Ile Ala Met Leu Val Ala Gly Asn Asp Arg Val Gln Ala Val
 180 185 190

atc aca cag atg gag gag gtg tgc cag act atc gag gac aat agc cgg 923
 Ile Thr Gln Met Glu Glu Val Cys Gln Thr Ile Glu Asp Asn Ser Arg
 195 200 205

agg cag aag cag ttg tta aac cag agg ttt gag agc ctg tgc gca gtg 971
 Arg Gln Lys Gln Leu Leu Asn Gln Arg Phe Glu Ser Leu Cys Ala Val
 210 215 220

ctg gag gag cgc aag ggt gag ctg ctg cag gcg ctg gcc cgg gag caa 1019
 Leu Glu Glu Arg Lys Gly Glu Leu Leu Gln Ala Leu Ala Arg Glu Gln
 225 230 235

gag gag aag ctg cag cgc gtc cgc ggc ctc atc cgt cag tat ggc gac 1067
 Glu Glu Lys Leu Gln Arg Val Arg Gly Leu Ile Arg Gln Tyr Gly Asp
 240 245 250 255

cac ctg gag gcc tcc tct aag ctg gtg gag tct gcc atc cag tcc atg 1115
 His Leu Glu Ala Ser Ser Lys Leu Val Glu Ser Ala Ile Gln Ser Met
 260 265 270

gaa gag cca caa atg gcg ctg tat ctc cag cag gcc aag gag ctg atc 1163

Glu Glu Pro Gln Met Ala Leu Tyr Leu Gln Gln Ala Lys Glu Leu Ile

275

280

285

aat aag gtc ggg gcc atg tcg aag gtg gag ctg gca ggg cgg ccg gag 1211

Asn Lys Val Gly Ala Met Ser Lys Val Glu Leu Ala Gly Arg Pro Glu

290

295

300

cca ggc tat gag agc atg gag caa ttc acc gta agg gtg gag cac gtg 1259

Pro Gly Tyr Glu Ser Met Glu Gln Phe Thr Val Arg Val Glu His Val

305

310

315

gcc gaa atg ctg cgg acc atc gac ttc cag cca ggc gct tcc ggg gag 1307

Ala Glu Met Leu Arg Thr Ile Asp Phe Gln Pro Gly Ala Ser Gly Glu

320

325

330

335

gaa gag gag gtg gcc cca gac gga gag gag ggc agc gcg ggg ccg gag 1355

Glu Glu Glu Val Ala Pro Asp Gly Glu Glu Gly Ser Ala Gly Pro Glu

340

345

350

gaa gag cgg ccg gat ggg cct taa ggcctgcgcc gaccgaccc tgctcgagag 1409

Glu Glu Arg Pro Asp Gly Pro

355

cccgcgctag agtcggggag gatctgcgca gagaccgcag catcacccaa atcggcgccg 1469

gccccgggag gatctcaata aagaactcga gcgtcccaga cccgtatctc ctttcgctgc 1529

ccaacccgc agcctgggct tcgaaggcga cccgcccacc atcctgccct tcccagaacc 1589

tgagaccgtc tggggggcgg aagccaaatg aacccttatt gggcacctct gtgatgccag 1649

gagcgaactg gtgagcccag cgccctggga agagggccga gggcggggcg gtggtgccgg 1709

gacctctgag gtcctgggga ttgggggacc cttgggtgcc acatgcacct ggctgacctg 1769

gctgaaagcc gctgtctcgg agccccccac agcatittgt tccctcccg ctggcccggg 1829

ggccccacct tcccacgggt tcccacgtg ctgtgactgc cctgcctcta cgacaaaagc 1889

caacgggtct tcagtacttt tatt 1913

<210> 4

<211> 358

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Asn Phe Thr Val Gly Phe Lys Pro Leu Leu Gly Asp Ala His Ser

1 5 10 15

Met Asp Asn Leu Glu Lys Gln Leu Ile Cys Pro Ile Cys Leu Glu Met

20 25 30

Phe Ser Lys Pro Val Val Ile Leu Pro Cys Gln His Asn Leu Cys Arg

35 40 45

Lys Cys Ala Asn Asp Val Phe Gln Ala Ser Asn Pro Leu Trp Gln Ser

50 55 60

Arg Gly Ser Thr Thr Val Ser Ser Gly Gly Arg Phe Arg Cys Pro Ser

65 70 75 80

Cys Arg His Glu Val Val Leu Asp Arg His Gly Val Tyr Gly Leu Gln
 85 90 95
 Arg Asn Leu Leu Val Glu Asn Ile Ile Asp Ile Tyr Lys Gln Glu Ser
 100 105 110
 Ser Arg Pro Leu His Ser Lys Ala Glu Gln His Leu Met Cys Glu Glu
 115 120 125
 His Glu Glu Glu Lys Ile Asn Ile Tyr Cys Leu Ser Cys Glu Val Pro
 130 135 140
 Thr Cys Ser Leu Cys Lys Val Phe Gly Ala His Lys Asp Cys Glu Val
 145 150 155 160
 Ala Pro Leu Pro Thr Ile Tyr Lys Arg Gln Lys Ser Glu Leu Ser Asp
 165 170 175
 Gly Ile Ala Met Leu Val Ala Gly Asn Asp Arg Val Gln Ala Val Ile
 180 185 190
 Thr Gln Met Glu Glu Val Cys Gln Thr Ile Glu Asp Asn Ser Arg Arg
 195 200 205
 Gln Lys Gln Leu Leu Asn Gln Arg Phe Glu Ser Leu Cys Ala Val Leu
 210 215 220
 Glu Glu Arg Lys Gly Glu Leu Leu Gln Ala Leu Ala Arg Glu Gln Glu
 225 230 235 240
 Glu Lys Leu Gln Arg Val Arg Gly Leu Ile Arg Gln Tyr Gly Asp His
 245 250 255
 Leu Glu Ala Ser Ser Lys Leu Val Glu Ser Ala Ile Gln Ser Met Glu
 260 265 270
 Glu Pro Gln Met Ala Leu Tyr Leu Gln Gln Ala Lys Glu Leu Ile Asn
 275 280 285
 Lys Val Gly Ala Met Ser Lys Val Glu Leu Ala Gly Arg Pro Glu Pro
 290 295 300
 Gly Tyr Glu Ser Met Glu Gln Phe Thr Val Arg Val Glu His Val Ala

305 310 315 320
 Glu Met Leu Arg Thr Ile Asp Phe Gln Pro Gly Ala Ser Gly Glu Glu
 325 330 335
 Glu Glu Val Ala Pro Asp Gly Glu Glu Gly Ser Ala Gly Pro Glu Glu
 340 345 350
 Glu Arg Pro Asp Gly Pro
 355

<210> 5
 <211> 1520
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (32)..(1147)

<400> 5
 aatccgagct cgtcccggcc tcaccagcgc c atg ctg ggc tcg cga gcc gcg 52
 Met Leu Gly Ser Arg Ala Ala
 1 5

 ggg ttc gcg cgg ggc ctg cgg gct ttg gca ctg gcg tgg ctg ccg ggc 100
 Gly Phe Ala Arg Gly Leu Arg Ala Leu Ala Leu Ala Trp Leu Pro Gly
 10 15 20

 tgg cgg ggc cgc tcc ttc gcc ctg gcg cgt gcg gca ggc gcg ccc cac 148

Trp Arg Gly Arg Ser Phe Ala Leu Ala Arg Ala Ala Gly Ala Pro His
25 30 35

ggt ggt gac ttg cag ccc ccc gcc tgt ccc gag ccg cgc ggg cgc cag 196
Gly Gly Asp Leu Gln Pro Pro Ala Cys Pro Glu Pro Arg Gly Arg Gln
40 45 50 55

ctc agt ttg tcc gcg gcg gcg gtg gtg gac tct gcg ccc cgc ccc ctg 244
Leu Ser Leu Ser Ala Ala Ala Val Val Asp Ser Ala Pro Arg Pro Leu
60 65 70

cag ccg tac ttg cgc ctc atg cgg ttg gac aag ccc att gga acc tgg 292
Gln Pro Tyr Leu Arg Leu Met Arg Leu Asp Lys Pro Ile Gly Thr Trp
75 80 85

ctt ctg tat tta cca tgt acc tgg agc att ggt ttg gca gct gaa cca 340
Leu Leu Tyr Leu Pro Cys Thr Trp Ser Ile Gly Leu Ala Ala Glu Pro
90 95 100

ggt tgt ttt cca gat tgg tac atg ctc tcc ctc ttt ggc act gga gct 388
Gly Cys Phe Pro Asp Trp Tyr Met Leu Ser Leu Phe Gly Thr Gly Ala
105 110 115

att ctg atg cgt gga gca ggc tgt act att aat gac atg tgg gac cag 436
Ile Leu Met Arg Gly Ala Gly Cys Thr Ile Asn Asp Met Trp Asp Gln
120 125 130 135

gac tat gat aaa aag gtt aca aga aca gcc aat cgt cca ata gcc gct 484
Asp Tyr Asp Lys Lys Val Thr Arg Thr Ala Asn Arg Pro Ile Ala Ala

140	145	150	
gga gac att tca act ttt cag tcc ttt gtt ttt ctt ggg gga cag cta			532
Gly Asp Ile Ser Thr Phe Gln Ser Phe Val Phe Leu Gly Gly Gln Leu			
155	160	165	
acc ctg gca ctg ggt gtt ctt ctg tgt cta aat tac tac agt ata gct			580
Thr Leu Ala Leu Gly Val Leu Leu Cys Leu Asn Tyr Tyr Ser Ile Ala			
170	175	180	
ctg gga gca gga tcc tta ctt ctt gtc atc acc tac cca cta atg aaa			628
Leu Gly Ala Gly Ser Leu Leu Leu Val Ile Thr Tyr Pro Leu Met Lys			
185	190	195	
aga att tca tac tgg cct caa cta gcc ttg ggc ttg aca ttt aat tgg			676
Arg Ile Ser Tyr Trp Pro Gln Leu Ala Leu Gly Leu Thr Phe Asn Trp			
200	205	210	215
gga gcg tta ctt gga tgg tct gct atc aag ggt tcc tgt gat cca tct			724
Gly Ala Leu Leu Gly Trp Ser Ala Ile Lys Gly Ser Cys Asp Pro Ser			
220	225	230	
gtt tgc ctg cct ctt tat ttt tct gga gtt atg tgg aca cta ata tat			772
Val Cys Leu Pro Leu Tyr Phe Ser Gly Val Met Trp Thr Leu Ile Tyr			
235	240	245	
gac act att tat gcc cat cag gac aaa aga gat gat gtt ttg att ggt			820
Asp Thr Ile Tyr Ala His Gln Asp Lys Arg Asp Asp Val Leu Ile Gly			
250	255	260	

ctt aag tca acg gct ctg cgg ttc gga gaa aat acc aag ccg tgg ctc 868
 Leu Lys Ser Thr Ala Leu Arg Phe Gly Glu Asn Thr Lys Pro Trp Leu
 265 270 275

agc ggc ttc agt gtt gca atg ctg ggg gca ctg agc cta gtg ggt gtg 916
 Ser Gly Phe Ser Val Ala Met Leu Gly Ala Leu Ser Leu Val Gly Val
 280 285 290 295

aac agt gga cag act gct ccc tac tac gct gcc ctg ggt gct gta gga 964
 Asn Ser Gly Gln Thr Ala Pro Tyr Tyr Ala Ala Leu Gly Ala Val Gly
 300 305 310

gcc cat ctg act cac cag att tac act cta gac atc cac aga cct gag 1012
 Ala His Leu Thr His Gln Ile Tyr Thr Leu Asp Ile His Arg Pro Glu
 315 320 325

gat tgt tgg aat aaa ttt atc tcc aac cga aca ctg gga cta ata gtt 1060
 Asp Cys Trp Asn Lys Phe Ile Ser Asn Arg Thr Leu Gly Leu Ile Val
 330 335 340

ttt tta ggg att gtc ctt ggg aat ttg tgg aaa gaa aag aag aca gac 1108
 Phe Leu Gly Ile Val Leu Gly Asn Leu Trp Lys Glu Lys Lys Thr Asp
 345 350 355

aaa aca aag aag ggt ata gag aat aaa ata gaa aat taa tgaatgaaat 1157
 Lys Thr Lys Lys Gly Ile Glu Asn Lys Ile Glu Asn
 360 365 370

ttatctagga atttttaaaa cattttttac aaaatataat tagatttgaa tacaaaatct 1217

gatacaatat gttaaagaat taagaacctg aagatgaaga tttagagcat atttacctgg 1277

attttactta ttgctagca aaattcccc ttgtcacaga aaccaggac tcttcaggat 1337

ttgagatggc cttgagtatt ttagttgata cattcttctg cccattataa ttctcacctg 1397

aagttatggg gattgcacag gttttggcac tttagaaaaa gcctgatgtg ggtcttacat 1457

aaatgaatgt ctgtataaga aaatggactc ttttttttag ggaaaaataa aagcaactat 1517

ggg 1520

<210> 6

<211> 371

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

Met Leu Gly Ser Arg Ala Ala Gly Phe Ala Arg Gly Leu Arg Ala Leu

1 5 10 15

Ala Leu Ala Trp Leu Pro Gly Trp Arg Gly Arg Ser Phe Ala Leu Ala

20 25 30

Arg Ala Ala Gly Ala Pro His Gly Gly Asp Leu Gln Pro Pro Ala Cys

35 40 45

Pro Glu Pro Arg Gly Arg Gln Leu Ser Leu Ser Ala Ala Ala Val Val

50 55 60

Asp Ser Ala Pro Arg Pro Leu Gln Pro Tyr Leu Arg Leu Met Arg Leu			
65	70	75	80
Asp Lys Pro Ile Gly Thr Trp Leu Leu Tyr Leu Pro Cys Thr Trp Ser			
	85	90	95
Ile Gly Leu Ala Ala Glu Pro Gly Cys Phe Pro Asp Trp Tyr Met Leu			
100	105	110	
Ser Leu Phe Gly Thr Gly Ala Ile Leu Met Arg Gly Ala Gly Cys Thr			
115	120	125	
Ile Asn Asp Met Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Lys Lys Val Thr Arg Thr			
130	135	140	
Ala Asn Arg Pro Ile Ala Ala Gly Asp Ile Ser Thr Phe Gln Ser Phe			
145	150	155	160
Val Phe Leu Gly Gly Gln Leu Thr Leu Ala Leu Gly Val Leu Leu Cys			
	165	170	175
Leu Asn Tyr Tyr Ser Ile Ala Leu Gly Ala Gly Ser Leu Leu Leu Val			
180	185	190	
Ile Thr Tyr Pro Leu Met Lys Arg Ile Ser Tyr Trp Pro Gln Leu Ala			
195	200	205	
Leu Gly Leu Thr Phe Asn Trp Gly Ala Leu Leu Gly Trp Ser Ala Ile			
210	215	220	
Lys Gly Ser Cys Asp Pro Ser Val Cys Leu Pro Leu Tyr Phe Ser Gly			
225	230	235	240
Val Met Trp Thr Leu Ile Tyr Asp Thr Ile Tyr Ala His Gln Asp Lys			
	245	250	255
Arg Asp Asp Val Leu Ile Gly Leu Lys Ser Thr Ala Leu Arg Phe Gly			
260	265	270	
Glu Asn Thr Lys Pro Trp Leu Ser Gly Phe Ser Val Ala Met Leu Gly			
275	280	285	
Ala Leu Ser Leu Val Gly Val Asn Ser Gly Gln Thr Ala Pro Tyr Tyr			

290	295	300
Ala Ala Leu Gly Ala Val Gly Ala His Leu Thr His Gln Ile Tyr Thr		
305	310	315
Leu Asp Ile His Arg Pro Glu Asp Cys Trp Asn Lys Phe Ile Ser Asn		320
	325	330
Arg Thr Leu Gly Leu Ile Val Phe Leu Gly Ile Val Leu Gly Asn Leu		335
	340	345
Trp Lys Glu Lys Lys Thr Asp Lys Thr Lys Lys Gly Ile Glu Asn Lys		350
	355	360
Ile Glu Asn		365
370		

<210> 7

<211> 1731

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (183)..(1301)

<400> 7

aagatagaac ccaaagaaag gcaaagagtc ctgcccggca ccggcgccgc gtgggccaaa 60

cctgcgccccg tggaggggCg cgcagagggc accgggCgcc gggagcaggc ggcgcagcac 120

cagcattgtg ttagtgccgg gaggccactg tgtcagcaag ctgagaggga aactgaagca 180

ag atg tcg ggc cgg agt ggg aag aag aaa atg tcc aag ctg tcc cgt 227

Met Ser Gly Arg Ser Gly Lys Lys Lys Met Ser Lys Leu Ser Arg

1 5 10 15

tca gct agg gca ggt gtc atc ttt cca gtg ggg agg ctg atg cgt tat 275

Ser Ala Arg Ala Gly Val Ile Phe Pro Val Gly Arg Leu Met Arg Tyr

20 25 30

ctg aag aaa ggg acg ttc aag tac cgg atc agc gtg ggc gcc cct gtc 323

Leu Lys Lys Gly Thr Phe Lys Tyr Arg Ile Ser Val Gly Ala Pro Val

35 40 45

tac atg gcg gca gtc att gag tac ctg gca gcg gaa att cta gaa ttg 371

Tyr Met Ala Ala Val Ile Glu Tyr Leu Ala Ala Glu Ile Leu Glu Leu

50 55 60

gcc ggc aat gcc gcg agg gac aac aag aag gcc cgg ata gcc ccg aga 419

Ala Gly Asn Ala Ala Arg Asp Asn Lys Lys Ala Arg Ile Ala Pro Arg

65 70 75

cac atc ttg ctg gca gtt gcc aat gac gag gag ctc aac cag ctg cta 467

His Ile Leu Leu Ala Val Ala Asn Asp Glu Glu Leu Asn Gln Leu Leu

80 85 90 95

aaa gga gtg acc atc gcc agt gga ggc gtc ctg ccc aga att cac ccc 515

Lys Gly Val Thr Ile Ala Ser Gly Gly Val Leu Pro Arg Ile His Pro

100 105 110

gaa ctg ctg gcc aaa aag cga ggg acc aaa ggc aag tcg gaa acg atc 563
 Glu Leu Leu Ala Lys Lys Arg Gly Thr Lys Gly Lys Ser Glu Thr Ile
 115 120 125

ctc tcc cca ccc cca gag aaa aga ggc agg aag gcc acg tca ggc aag 611
 Leu Ser Pro Pro Pro Glu Lys Arg Gly Arg Lys Ala Thr Ser Gly Lys
 130 135 140

aag ggg ggg aag aaa tcc aag gct gcc aaa cca cgg acg tcc aaa aag 659
 Lys Gly Gly Lys Lys Ser Lys Ala Ala Lys Pro Arg Thr Ser Lys Lys
 145 150 155

tcc aaa cca aag gac agc gat aaa gaa gga act tca aat tcc acc tct 707
 Ser Lys Pro Lys Asp Ser Asp Lys Glu Gly Thr Ser Asn Ser Thr Ser
 160 165 170 175

gaa gat ggg cca ggg gat gga ttc acc att ctg tct tct aag agc ctt 755
 Glu Asp Gly Pro Gly Asp Gly Phe Thr Ile Leu Ser Ser Lys Ser Leu
 180 185 190

gtt ctg gga cag aag ctg tcc tta acc cag agt gac atc agc cat att 803
 Val Leu Gly Gln Lys Leu Ser Leu Thr Gln Ser Asp Ile Ser His Ile
 195 200 205

ggc tcc atg aga gtg gag ggc att gtc cac cca acc aca gcc gaa att 851
 Gly Ser Met Arg Val Glu Gly Ile Val His Pro Thr Thr Ala Glu Ile
 210 215 220

gac ctc aaa gaa gat ata ggt aaa gcc ttg gaa aag gct ggg gga aaa 899

Asp Leu Lys Glu Asp Ile Gly Lys Ala Leu Glu Lys Ala Gly Gly Lys

225

230

235

gag ttc ttg gaa acg gta aag gag ctt cgc aaa tcc caa ggc cct ttg 947

Glu Phe Leu Glu Thr Val Lys Glu Leu Arg Lys Ser Gln Gly Pro Leu

240

245

250

255

gaa gtc gcc gaa gcc gcc gtc agc caa tcc agt gga ctc gca gcc aaa 995

Glu Val Ala Glu Ala Ala Val Ser Gln Ser Ser Gly Leu Ala Ala Lys

260

265

270

ttt gtc atc cac tgt cac atc cct cag tgg ggc tcc gac aaa tgt gaa 1043

Phe Val Ile His Cys His Ile Pro Gln Trp Gly Ser Asp Lys Cys Glu

275

280

285

gaa cag ctt gaa gag acc atc aaa aac tgc ctg tca gcg gcg gag gac 1091

Glu Gln Leu Glu Glu Thr Ile Lys Asn Cys Leu Ser Ala Ala Glu Asp

290

295

300

aag aag cta aag tcc gtc gcg ttc ccg cct ttc ccc agc ggc aga aac 1139

Lys Lys Leu Lys Ser Val Ala Phe Pro Pro Phe Pro Ser Gly Arg Asn

305

310

315

tgc ttt ccc aaa cag act gcg gcc cag gtg acc ctc aaa gcc atc tca 1187

Cys Phe Pro Lys Gln Thr Ala Ala Gln Val Thr Leu Lys Ala Ile Ser

320

325

330

335

gcc cac ttt gat gac tcg agc gcg tcc tcg ctg aag aac gtg tac ttc 1235

Ala His Phe Asp Asp Ser Ser Ala Ser Ser Leu Lys Asn Val Tyr Phe

340	345	350	
ctg ctc ttc gac agc gag agc atc ggc atc tac gtg cag gag atg gcc			1283
Leu Leu Phe Asp Ser Glu Ser Ile Gly Ile Tyr Val Gln Glu Met Ala			
355	360	365	
aag ctc gac gcc aag tag ccgccgcact ttccagcagg gatcggagga			1331
Lys Leu Asp Ala Lys			
370			
cgacccgagt cccaagagtg gggttttgct ttttaaaagg agagaggagg ggtgatggca			1391
ggggagtgga gggtagccgg gcaggctctg ccggcgcagg gagccctctg cccttcacac			1451
tcctctccaa aagagcctcc atctgtaagg aagcaggctc ccgcgagggg tttctttcca			1511
tgtgttttcc tcctgttggt ttagaacttt tttaaaaaaa cagacctcgt ttagatttta			1571
tagcattgac tttacacac attcacacaa gaaaaaaatc ctttcaaaat tcttaaattct			1631
tctgttcctc ctttttccaa gggaagaggg caaaaagtgg cctgggctct gttggtgtgc			1691
gtgttccgtg gcggagagaa gaaaatggga aagacatctc			1731

<210> 8

<211> 372

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 8

Met Ser Gly Arg Ser Gly Lys Lys Lys Met Ser Lys Leu Ser Arg Ser
 1 5 10 15
 Ala Arg Ala Gly Val Ile Phe Pro Val Gly Arg Leu Met Arg Tyr Leu
 20 25 30
 Lys Lys Gly Thr Phe Lys Tyr Arg Ile Ser Val Gly Ala Pro Val Tyr
 35 40 45
 Met Ala Ala Val Ile Glu Tyr Leu Ala Ala Glu Ile Leu Glu Leu Ala
 50 55 60
 Gly Asn Ala Ala Arg Asp Asn Lys Lys Ala Arg Ile Ala Pro Arg His
 65 70 75 80
 Ile Leu Leu Ala Val Ala Asn Asp Glu Glu Leu Asn Gln Leu Leu Lys
 85 90 95
 Gly Val Thr Ile Ala Ser Gly Gly Val Leu Pro Arg Ile His Pro Glu
 100 105 110
 Leu Leu Ala Lys Lys Arg Gly Thr Lys Gly Lys Ser Glu Thr Ile Leu
 115 120 125
 Ser Pro Pro Pro Glu Lys Arg Gly Arg Lys Ala Thr Ser Gly Lys Lys
 130 135 140
 Gly Gly Lys Lys Ser Lys Ala Ala Lys Pro Arg Thr Ser Lys Lys Ser
 145 150 155 160
 Lys Pro Lys Asp Ser Asp Lys Glu Gly Thr Ser Asn Ser Thr Ser Glu
 165 170 175
 Asp Gly Pro Gly Asp Gly Phe Thr Ile Leu Ser Ser Lys Ser Leu Val
 180 185 190
 Leu Gly Gln Lys Leu Ser Leu Thr Gln Ser Asp Ile Ser His Ile Gly
 195 200 205
 Ser Met Arg Val Glu Gly Ile Val His Pro Thr Thr Ala Glu Ile Asp

210	215	220
Leu Lys Glu Asp Ile Gly Lys Ala Leu Glu Lys Ala Gly Gly Lys Glu		
225	230	235
Phe Leu Glu Thr Val Lys Glu Leu Arg Lys Ser Gln Gly Pro Leu Glu		240
	245	250
Val Ala Glu Ala Ala Val Ser Gln Ser Ser Gly Leu Ala Ala Lys Phe		255
	260	265
Val Ile His Cys His Ile Pro Gln Trp Gly Ser Asp Lys Cys Glu Glu		270
	275	280
Gln Leu Glu Glu Thr Ile Lys Asn Cys Leu Ser Ala Ala Glu Asp Lys		285
	290	295
Lys Leu Lys Ser Val Ala Phe Pro Pro Phe Pro Ser Gly Arg Asn Cys		300
305	310	315
Phe Pro Lys Gln Thr Ala Ala Gln Val Thr Leu Lys Ala Ile Ser Ala		320
	325	330
His Phe Asp Asp Ser Ser Ala Ser Ser Leu Lys Asn Val Tyr Phe Leu		335
	340	345
Leu Phe Asp Ser Glu Ser Ile Gly Ile Tyr Val Gln Glu Met Ala Lys		350
	355	360
Leu Asp Ala Lys		365
370		

<210> 9

<211> 910

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (21)..(698)

<400> 9

aaagtaaggg tgcgtgctg atg gcc ctg tgc gca ctg acc cgc gct ctg cgc 53

Met Ala Leu Cys Ala Leu Thr Arg Ala Leu Arg

1

5

10

tct ctg aac ctg gcg ccc ccg acc gtc gcc gcc cct gcc ccg agt ctg 101

Ser Leu Asn Leu Ala Pro Pro Thr Val Ala Ala Pro Ala Pro Ser Leu

15

20

25

ttc ccc gcc gcc cag atg atg aac aat ggc ctc ctc caa cag ccc tct 149

Phe Pro Ala Ala Gln Met Met Asn Asn Gly Leu Leu Gln Gln Pro Ser

30

35

40

gcc ttg atg ttg ctc ccc tgc cgc cca gtt ctt act tct gtg gcc ctt 197

Ala Leu Met Leu Leu Pro Cys Arg Pro Val Leu Thr Ser Val Ala Leu

45

50

55

aat gcc aac ttt gtg tcc tgg aag agt cgt acc aag tac acc att aca 245

Asn Ala Asn Phe Val Ser Trp Lys Ser Arg Thr Lys Tyr Thr Ile Thr

60

65

70

75

cca gtg aag atg agg aag tct ggg ggc cga gac cac aca ggc cga atc 293

Pro Val Lys Met Arg Lys Ser Gly Gly Arg Asp His Thr Gly Arg Ile

80

85

90

cgg gtg cat ggt att ggc ggg ggc cac aag caa cgt tat cga atg att 341
 Arg Val His Gly Ile Gly Gly Gly His Lys Gln Arg Tyr Arg Met Ile
 95 100 105

gac ttt ctg cgt ttc cgg cct gag gag acc aag tca gga ccc ttt gag 389
 Asp Phe Leu Arg Phe Arg Pro Glu Glu Thr Lys Ser Gly Pro Phe Glu
 110 115 120

gag aag gtt atc caa gtc cgc tat gat ccc tgt agg tca gca gac ata 437
 Glu Lys Val Ile Gln Val Arg Tyr Asp Pro Cys Arg Ser Ala Asp Ile
 125 130 135

gct ctg gtt gct ggg ggc agc cgg aaa cgc tgg atc atc gcc aca gaa 485
 Ala Leu Val Ala Gly Gly Ser Arg Lys Arg Trp Ile Ile Ala Thr Glu
 140 145 150 155

aac atg cag gct gga gat aca atc ttg aac tct aac cac ata ggc cga 533
 Asn Met Gln Ala Gly Asp Thr Ile Leu Asn Ser Asn His Ile Gly Arg
 160 165 170

atg gca gtt gct gct cgg gaa ggg gat gcg cat cct ctt ggg gct ctg 581
 Met Ala Val Ala Ala Arg Glu Gly Asp Ala His Pro Leu Gly Ala Leu
 175 180 185

cct gtg ggg acc ctc atc aac aac gtg gaa agt gag cca ggc cgg ggt 629
 Pro Val Gly Thr Leu Ile Asn Asn Val Glu Ser Glu Pro Gly Arg Gly
 190 195 200

gcc caa tat atc cga gct gca ggt gct gga aac gtg cgt agc aac agt 677

Ala Gln Tyr Ile Arg Ala Ala Gly Ala Gly Asn Val Arg Ser Asn Ser
 205 210 215

agg ccg agt atc caa cgt tga tcataacaaa cgggtcattg gcaaggcagg 728

Arg Pro Ser Ile Gln Arg

220 225

tcgcaaccgc tggctgggca agaggcctaa cagtgggcgg tggcaccgca aggggggctg 788

ggctggccga aagattcggc cactaccccc catgaagagt tacgtgaagc tgccttctgc 848

ttctgcccga agctgatatc cctgtactct aataaaatgc cccccccccc cgttttaatc 908

tg 910

<210> 10

<211> 225

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 10

Met Ala Leu Cys Ala Leu Thr Arg Ala Leu Arg Ser Leu Asn Leu Ala

1 5 10 15

Pro Pro Thr Val Ala Ala Pro Ala Pro Ser Leu Phe Pro Ala Ala Gln

20 25 30

Met Met Asn Asn Gly Leu Leu Gln Gln Pro Ser Ala Leu Met Leu Leu

35 40 45

Pro Cys Arg Pro Val Leu Thr Ser Val Ala Leu Asn Ala Asn Phe Val

50	55	60
Ser Trp Lys Ser Arg Thr Lys Tyr Thr Ile Thr Pro Val Lys Met Arg		
65	70	75
Lys Ser Gly Gly Arg Asp His Thr Gly Arg Ile Arg Val His Gly Ile		80
	85	90
Gly Gly Gly His Lys Gln Arg Tyr Arg Met Ile Asp Phe Leu Arg Phe		95
	100	105
Arg Pro Glu Glu Thr Lys Ser Gly Pro Phe Glu Glu Lys Val Ile Gln		110
	115	120
Val Arg Tyr Asp Pro Cys Arg Ser Ala Asp Ile Ala Leu Val Ala Gly		125
	130	135
Gly Ser Arg Lys Arg Trp Ile Ile Ala Thr Glu Asn Met Gln Ala Gly		140
145	150	155
Asp Thr Ile Leu Asn Ser Asn His Ile Gly Arg Met Ala Val Ala Ala		160
	165	170
Arg Glu Gly Asp Ala His Pro Leu Gly Ala Leu Pro Val Gly Thr Leu		175
	180	185
Ile Asn Asn Val Glu Ser Glu Pro Gly Arg Gly Ala Gln Tyr Ile Arg		190
	195	200
Ala Ala Gly Ala Gly Asn Val Arg Ser Asn Ser Arg Pro Ser Ile Gln		205
	210	215
		220
Arg		
225		

<210> 11

<211> 784

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (156)..(500)

<400> 11

```

accccgcgcg cgccctctctg tcgtggcgcg gcttcccgcg gtcttctctg caaatgggct 60

ccgtggccta gcgcccccggt ccccgccacc cgtgatcgtg cgccgaggcc cgcgaggggt 120

cgccgcccag atcccaccag ccagcaagct aaagc atg gcg gcc atc ccc tcc      173
                        Met Ala Ala Ile Pro Ser
                        1             5

agc ggc tcg ctc gtg gcc acc cac gac tac tac cgg cgc cgc ctg ggt      221
Ser Gly Ser Leu Val Ala Thr His Asp Tyr Tyr Arg Arg Arg Leu Gly
                        10             15             20

tcc act tcc agc aac agc tcc tgc agc agt acc gag tgc ccc ggg gaa      269
Ser Thr Ser Ser Asn Ser Ser Cys Ser Ser Thr Glu Cys Pro Gly Glu
                        25             30             35

gcc att ccc cac ccc cca ggt ctc ccc aag gct gac ccg ggt cat tgg      317
Ala Ile Pro His Pro Pro Gly Leu Pro Lys Ala Asp Pro Gly His Trp
                        40             45             50

tgg gcc agc ttc ttt ttc ggg aag tcc acc ctc ccg ttc atg gcc acg      365
Trp Ala Ser Phe Phe Phe Gly Lys Ser Thr Leu Pro Phe Met Ala Thr

```

55	60	65	70	
gtg ttg gag tcc gca gag cac tcg gaa cct ccc cag gcc tcc agc agc				413
Val Leu Glu Ser Ala Glu His Ser Glu Pro Pro Gln Ala Ser Ser Ser				
	75	80	85	
atg acc gcc tgt ggc ctg gct cgg gac gcc ccg agg aag cag ccc ggc				461
Met Thr Ala Cys Gly Leu Ala Arg Asp Ala Pro Arg Lys Gln Pro Gly				
	90	95	100	
ggt cag tcc agc aca gcc agc gct ggg ccc ccg tcc tga cctgagcggt				510
Gly Gln Ser Ser Thr Ala Ser Ala Gly Pro Pro Ser				
105	110	115		
taccaccagc cccaggcctg cggaggcgct agtccaccag agccccctccc cgccccctctc				570
cccactccgc atccctcgcc cccctcccca cctcccaccc cccaccctgt aaactaggcg				630
gctgcagcaa gcagaccttc gcatcaacac agcagacacc aaaaaccagt gagagccccg				690
ctctctaccg cccggcccca gcactcgcta gctttcctga cacctggaac tgtgcacctg				750
gcaccaagcg gaaaataaac tccaagcagc cagt				784

<210> 12

<211> 114

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

Met	Ala	Ala	Ile	Pro	Ser	Ser	Gly	Ser	Leu	Val	Ala	Thr	His	Asp	Tyr
1				5					10					15	
Tyr	Arg	Arg	Arg	Leu	Gly	Ser	Thr	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Cys	Ser	Ser
			20					25					30		
Thr	Glu	Cys	Pro	Gly	Glu	Ala	Ile	Pro	His	Pro	Pro	Gly	Leu	Pro	Lys
		35					40					45			
Ala	Asp	Pro	Gly	His	Trp	Trp	Ala	Ser	Phe	Phe	Phe	Gly	Lys	Ser	Thr
	50					55						60			
Leu	Pro	Phe	Met	Ala	Thr	Val	Leu	Glu	Ser	Ala	Glu	His	Ser	Glu	Pro
	65					70				75				80	
Pro	Gln	Ala	Ser	Ser	Ser	Met	Thr	Ala	Cys	Gly	Leu	Ala	Arg	Asp	Ala
				85					90				95		
Pro	Arg	Lys	Gln	Pro	Gly	Gly	Gln	Ser	Ser	Thr	Ala	Ser	Ala	Gly	Pro
		100						105					110		
Pro	Ser														

<210> 13

<211> 984

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (348)..(770)

<400> 13

agaagacagg gcacccgcgg ccttgctgcg catgctcgcg ctgtgacccc ggcttgaggt 60

aacagcgcgga gctgaggctg gggcccttgg cgcggaggct gagggacccg ccgcggcgct 120

gtcgccggag agggagggca ccgctgtcgc cagaagccaa ggagtcctca gtgaccgtgg 180

gatccacaac atctccacat cgctgtcccc acccagccag ggcagcgcca gcactagctc 240

agacgcaagg acggaaccgc tggactccag gttccttgcc tgggagtagg agaaatccac 300

ctgctggggg ctgagtgtgg cctgaggggac aggccctggg tcccggg atg ccc ctg 356

Met Pro Leu

1

ccc gag ccc agc gag cag gag ggt gag agt gtg aag gcc agc cag gag 404

Pro Glu Pro Ser Glu Gln Glu Gly Glu Ser Val Lys Ala Ser Gln Glu

5

10

15

cca tcc ccc aag cca ggc aca gaa gtc atc ccg gca gcc ccc agg aag 452

Pro Ser Pro Lys Pro Gly Thr Glu Val Ile Pro Ala Ala Pro Arg Lys

20

25

30

35

ccc aga aag ttc tcc aaa ctg gtc ctg ctc aca gcc tcc aaa gac agc 500

Pro Arg Lys Phe Ser Lys Leu Val Leu Leu Thr Ala Ser Lys Asp Ser

40

45

50

acc aag gtg gcg ggg gcc aag cgc aag ggt gtg cac tgt gtc atg tcc 548

Thr Lys Val Ala Gly Ala Lys Arg Lys Gly Val His Cys Val Met Ser

55

60

65

ctg ggg gtg ccc ggc ccc gcc acc ctt gcc aag gcc ctc ctc cag acc 596

Leu Gly Val Pro Gly Pro Ala Thr Leu Ala Lys Ala Leu Leu Gln Thr

70

75

80

cac ccc gag gcc cag cgg gcc att gag gca gcc cct cag gag cct gag 644

His Pro Glu Ala Gln Arg Ala Ile Glu Ala Ala Pro Gln Glu Pro Glu

85

90

95

cag aaa cgg agc agg cag gac cca ggc aca gac aga aca gaa gac agt 692

Gln Lys Arg Ser Arg Gln Asp Pro Gly Thr Asp Arg Thr Glu Asp Ser

100

105

110

115

gga tta gca gcg ggg cct cct gag gct gct ggg gag aac ttt gcc ccc 740

Gly Leu Ala Ala Gly Pro Pro Glu Ala Ala Gly Glu Asn Phe Ala Pro

120

125

130

tgc tct gtg gcg ccc ggc aag tcc ctg taa ccttgacaac aggcgcatcc 790

Cys Ser Val Ala Pro Gly Lys Ser Leu

135

140

tcccgggcca ccaaccacgc cataggctct tctctgtccg cagggtttct ggggccaat 850

gggtgaatct ttgctttcaa cattgtgtga tttcttttct tttttttttt ttttttttag 910

atcaagtata agttactttt gtaagcagaa aaatactttc aaacaagaat aaaagaagct 970

gttcgctaga cccc

984

<210> 14

<211> 140

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 14

Met	Pro	Leu	Pro	Glu	Pro	Ser	Glu	Gln	Glu	Gly	Glu	Ser	Val	Lys	Ala
1				5					10					15	
Ser	Gln	Glu	Pro	Ser	Pro	Lys	Pro	Gly	Thr	Glu	Val	Ile	Pro	Ala	Ala
			20					25						30	
Pro	Arg	Lys	Pro	Arg	Lys	Phe	Ser	Lys	Leu	Val	Leu	Leu	Thr	Ala	Ser
		35					40						45		
Lys	Asp	Ser	Thr	Lys	Val	Ala	Gly	Ala	Lys	Arg	Lys	Gly	Val	His	Cys
	50					55					60				
Val	Met	Ser	Leu	Gly	Val	Pro	Gly	Pro	Ala	Thr	Leu	Ala	Lys	Ala	Leu
65					70					75				80	
Leu	Gln	Thr	His	Pro	Glu	Ala	Gln	Arg	Ala	Ile	Glu	Ala	Ala	Pro	Gln
			85						90					95	
Glu	Pro	Glu	Gln	Lys	Arg	Ser	Arg	Gln	Asp	Pro	Gly	Thr	Asp	Arg	Thr
			100					105						110	
Glu	Asp	Ser	Gly	Leu	Ala	Ala	Gly	Pro	Pro	Glu	Ala	Ala	Gly	Glu	Asn
		115					120						125		
Phe	Ala	Pro	Cys	Ser	Val	Ala	Pro	Gly	Lys	Ser	Leu				
	130						135				140				

<210> 15

<211> 864

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (357)..(614)

<400> 15

gtatgatgga agtcgtagta ggaaatggcg tcgtggcatt gaggggcatc cctcctagaa 60

cctccaggaa aagctcgcgg aagacgaggt tctgcggaga gagaggctcc aagcagtctg 120

ggaagtgtag tccagttggc ttagcagtag ttctgttggg ggggagccga ggttccggga 180

aggggctagg ccggcttgaa aagagattat gactgtacct ttaactttg tagctggaac 240

acaagaagtg ttgttttaat gaatgacgta cacatttaag atctgtttgg acgcggagga 300

taatcctgtg aattgctaag agttcactgg gtttggccct tagtgttgac ttcagt atg 359

Met

1

ctg aga cgg aaa cca aca cgc cta gag cta aag ctt gat gac att gaa 407

Leu Arg Arg Lys Pro Thr Arg Leu Glu Leu Lys Leu Asp Asp Ile Glu

5

10

15

gag ttt gag aac att cga aag gac ctg gag acc cgt aag aaa cag aag 455

Glu Phe Glu Asn Ile Arg Lys Asp Leu Glu Thr Arg Lys Lys Gln Lys

20

25

30

gaa gat gtg gaa gtt gta gga ggc agt gat gga gaa gga gcc att ggg 503

Glu Asp Val Glu Val Val Gly Gly Ser Asp Gly Glu Gly Ala Ile Gly

35

40

45

ctt agc agt gat ccc aag agc cgg gaa caa atg atc aat gat cgg att 551

Leu Ser Ser Asp Pro Lys Ser Arg Glu Gln Met Ile Asn Asp Arg Ile

50

55

60

65

ggt tat aaa ccc caa ccc aag ccc aat aat cgt tca tct caa ttt gga 599

Gly Tyr Lys Pro Gln Pro Lys Pro Asn Asn Arg Ser Ser Gln Phe Gly

70

75

80

agt ctt gaa ttt tag agatggatta tcttgcattg cagagcgctg gaatggaata 654

Ser Leu Glu Phe

85

aaatgatggc agaagtacaa accagattta gagaattgag tgcttgcatg caagcagaat 714

gtacctcctg cagagacaaa tcttctgcat gagattactg atgcttcact tgcactctaa 774

gctggaatcc aaactctggt ttgtctcttg aaaatttgac tctataaaac tgatctgatt 834

ttctgttttt aaaaataaat atatttttgg

864

<210> 16

<211> 85

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 16

```

Met Leu Arg Arg Lys Pro Thr Arg Leu Glu Leu Lys Leu Asp Asp Ile
  1             5             10             15
Glu Glu Phe Glu Asn Ile Arg Lys Asp Leu Glu Thr Arg Lys Lys Gln
          20             25             30
Lys Glu Asp Val Glu Val Val Gly Gly Ser Asp Gly Glu Gly Ala Ile
          35             40             45
Gly Leu Ser Ser Asp Pro Lys Ser Arg Glu Gln Met Ile Asn Asp Arg
          50             55             60
Ile Gly Tyr Lys Pro Gln Pro Lys Pro Asn Asn Arg Ser Ser Gln Phe
          65             70             75             80
Gly Ser Leu Glu Phe
          85

```

<210> 17

<211> 2617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (121)..(1860)

<400> 17

aggcctgcgg aggggcgtta tctggagggc cgcgggtgca ggccgcagtg acagggccgc 60

tcgccccgct agtcctgcct gtctcccgtt gcagctgtgt tcgcgccctg caggcccaac 120

atg gcg cag gag gtg tcg gag tac ctg agc cag aac ccg cgg gtg gca 168

Met Ala Gln Glu Val Ser Glu Tyr Leu Ser Gln Asn Pro Arg Val Ala

1

5

10

15

gcc tgg gtg gag gcg ctg cgc tgc gac ggc gag act gac aaa cac tgg 216

Ala Trp Val Glu Ala Leu Arg Cys Asp Gly Glu Thr Asp Lys His Trp

20

25

30

cgc cac cgc cgg gat ttt ttg ctt cgc aac gcc ggg gac ctg gcc ccc 264

Arg His Arg Arg Asp Phe Leu Leu Arg Asn Ala Gly Asp Leu Ala Pro

35

40

45

gct ggc ggc gct gcc tcc gct agc acg gat gaa gct gcc gac gcc gag 312

Ala Gly Gly Ala Ala Ser Ala Ser Thr Asp Glu Ala Ala Asp Ala Glu

50

55

60

agc ggc acc cga aac cgg cag ctg cag cag ctc atc tcc ttt tcc atg 360

Ser Gly Thr Arg Asn Arg Gln Leu Gln Gln Leu Ile Ser Phe Ser Met

65

70

75

80

gcc tgg gcg aac cac gtc ttc ctc ggg tgc cga tac cct caa aaa gtt 408

Ala Trp Ala Asn His Val Phe Leu Gly Cys Arg Tyr Pro Gln Lys Val

85

90

95

atg gat aaa ata ctt agt atg gct gaa ggc atc aaa gtg aca gat gct 456
Met Asp Lys Ile Leu Ser Met Ala Glu Gly Ile Lys Val Thr Asp Ala
100 105 110

cca acc tat aca aca aga gat gaa ctg gtt gcc aag gtg aag aaa aga 504
Pro Thr Tyr Thr Thr Arg Asp Glu Leu Val Ala Lys Val Lys Lys Arg
115 120 125

ggg ata tcg agt agc aat gaa ggg gta gaa gag cca tcc aaa aaa cga 552
Gly Ile Ser Ser Ser Asn Glu Gly Val Glu Glu Pro Ser Lys Lys Arg
130 135 140

gtt ata gaa gga aaa aac agt tct gca gtt gag caa gat cac gca aaa 600
Val Ile Glu Gly Lys Asn Ser Ser Ala Val Glu Gln Asp His Ala Lys
145 150 155 160

acc tct gcc aag aca gaa cgt gca tca gct cag cag gaa aac agt tca 648
Thr Ser Ala Lys Thr Glu Arg Ala Ser Ala Gln Gln Glu Asn Ser Ser
165 170 175

acg tgt ata ggg tcg gcc atc aaa tca gag agt ggg aac tca gct cgg 696
Thr Cys Ile Gly Ser Ala Ile Lys Ser Glu Ser Gly Asn Ser Ala Arg
180 185 190

agc tct ggc atc tcc agt cag aat agc tct aca agt gat gga gat cga 744
Ser Ser Gly Ile Ser Ser Gln Asn Ser Ser Thr Ser Asp Gly Asp Arg
195 200 205

tct gtt tcc agc caa agc agc agc agc gtt tcc tct cag gta aca acg 792

Ser Val Ser Ser Gln Ser Ser Ser Ser Val Ser Ser Gln Val Thr Thr
210 215 220

gca gga tct ggg aaa gct tct gaa gca gaa gct cca gat aaa cac ggt 840
Ala Gly Ser Gly Lys Ala Ser Glu Ala Glu Ala Pro Asp Lys His Gly
225 230 235 240

tca tca ttt gtt tcc ttg ctg aaa tcc agt gtg aat agt cac atg acc 888
Ser Ser Phe Val Ser Leu Leu Lys Ser Ser Val Asn Ser His Met Thr
245 250 255

caa tcc act gat tct aga caa caa agt gga tca cct aaa aag agt gct 936
Gln Ser Thr Asp Ser Arg Gln Gln Ser Gly Ser Pro Lys Lys Ser Ala
260 265 270

ttg gaa ggc tct tca gcc tca gct tct cga agc agc tca gag atc gag 984
Leu Glu Gly Ser Ser Ala Ser Ala Ser Arg Ser Ser Ser Glu Ile Glu
275 280 285

gtg ccc ttg ttg ggc tcc tca gga agc tca gag gta gaa ttg cca cta 1032
Val Pro Leu Leu Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Val Glu Leu Pro Leu
290 295 300

ttg tct tcc aaa cct agt tca gag aca gct tca agt ggg tta act tcc 1080
Leu Ser Ser Lys Pro Ser Ser Glu Thr Ala Ser Ser Gly Leu Thr Ser
305 310 315 320

aaa act agt tca gag gca agt gtt tca tca tca gtt gct aaa aac agt 1128
Lys Thr Ser Ser Glu Ala Ser Val Ser Ser Ser Val Ala Lys Asn Ser

325	330	335	
tcc tca tca ggc aca tcc tta ctg act ccc aag agc agc tct tca aca			1176
Ser Ser Ser Gly Thr Ser Leu Leu Thr Pro Lys Ser Ser Ser Ser Thr			
340	345	350	
aat aca tcg ctg cta act tcc aag agc act tcc cag gta gct gca tca			1224
Asn Thr Ser Leu Leu Thr Ser Lys Ser Thr Ser Gln Val Ala Ala Ser			
355	360	365	
cta cta gct tcc aag agc agc tcc cag acc agt gga tct ctg gtt tcc			1272
Leu Leu Ala Ser Lys Ser Ser Ser Gln Thr Ser Gly Ser Leu Val Ser			
370	375	380	
aaa agc act tcc tta gca agt gtg tcc cag ttg gct tct aag agt agt			1320
Lys Ser Thr Ser Leu Ala Ser Val Ser Gln Leu Ala Ser Lys Ser Ser			
385	390	395	400
tct cag act agc acc tca cag ttg cct tct aaa agt act tca cag tca			1368
Ser Gln Thr Ser Thr Ser Gln Leu Pro Ser Lys Ser Thr Ser Gln Ser			
405	410	415	
agt gag agt tct gtc aaa ttc tct tgc aag tta acc aat gaa gat gtg			1416
Ser Glu Ser Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Leu Thr Asn Glu Asp Val			
420	425	430	
aaa cag aag caa cct ttt ttc aat aga cta tat aaa acg gtg gca tgg			1464
Lys Gln Lys Gln Pro Phe Phe Asn Arg Leu Tyr Lys Thr Val Ala Trp			
435	440	445	

aag ttg gta gct gtt ggt ggc ttt agt ccc aat gtg aat cat gga gag 1512
Lys Leu Val Ala Val Gly Gly Phe Ser Pro Asn Val Asn His Gly Glu

450

455

460

ctc cta aat gca gct att gag gct ctg aaa gca aca ctg gat gta ttt 1560
Leu Leu Asn Ala Ala Ile Glu Ala Leu Lys Ala Thr Leu Asp Val Phe

465

470

475

480

ttt gtc cca cta aaa gaa ttg gca gat ctg cct caa aat aag agc tct 1608
Phe Val Pro Leu Lys Glu Leu Ala Asp Leu Pro Gln Asn Lys Ser Ser

485

490

495

caa gaa agt att gtt tgt gaa ttg agg tgc aag tct gtg tat ttg ggc 1656
Gln Glu Ser Ile Val Cys Glu Leu Arg Cys Lys Ser Val Tyr Leu Gly

500

505

510

act ggc tgt gga aaa agc aaa gaa aat gca aaa gca gtt gca tca aga 1704
Thr Gly Cys Gly Lys Ser Lys Glu Asn Ala Lys Ala Val Ala Ser Arg

515

520

525

gaa gca ttg aag tta ttt ctc aag aaa aag gtg gtg gta aaa ata tgt 1752
Glu Ala Leu Lys Leu Phe Leu Lys Lys Lys Val Val Val Lys Ile Cys

530

535

540

aaa agg aaa tac aga ggc agt gaa ata gaa gat cta gta ctc ctt gat 1800
Lys Arg Lys Tyr Arg Gly Ser Glu Ile Glu Asp Leu Val Leu Leu Asp

545

550

555

560

gaa gaa tcg agg cct gta aac tta cct cca gca cta aaa cat cct caa 1848

Glu Glu Ser Arg Pro Val Asn Leu Pro Pro Ala Leu Lys His Pro Gln

565

570

575

gaa tta cta taa tgggtccaaa atatcactgc atacaatatac tgggtatttga 1900

Glu Leu Leu

580

agagaaaaac tgacttttgt atagtataaa acacaggctt tcacaaattt tgtattgctt 1960

ttttccagt ttgacagaaa atttacattc tagttctctt cacacagtag cagttgtaaa 2020

taatttatga atgacagtag acattaaaag gtaggcatta gcagcatatt agtatgctgt 2080

tttatttgcg gaagaaaata ctgtcttcta tttttaatga tacattaggt acgatgtgta 2140

gttcggtaga gtcctaaaat ttttgtacta ctttcaattt ggtgaaaatg tattaagttg 2200

tctaccatgt tttcttttct agctgaataa accacatcaa aggaaaggga ccacagtatt 2260

tgaatgtttg aaagtctgta aagcttaagg ttttaaaaat gttgcccgta atgttgaacg 2320

tgtctgttaa aaaataaaaag aaaaaatagt tgcttcaaac tatttttatg agaagttgta 2380

agcatttttt agatataaag cagtataaag tacttggtat tttactctga agttgtttta 2440

aattcaccat gactttgacc gctgaagatt cttaagcgg gtttaatttat gttttgaggt 2500

ggaatacaat ttacactttt ttcttaaaaa catgaatgtg ggtttctata ttaagcatat 2560

tttgtgacta ctattaacag attgatttgt ttagatatta aatgcttta gctatatt 2617

<210> 18

<211> 579

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 18

Met	Ala	Gln	Glu	Val	Ser	Glu	Tyr	Leu	Ser	Gln	Asn	Pro	Arg	Val	Ala
1				5					10					15	
Ala	Trp	Val	Glu	Ala	Leu	Arg	Cys	Asp	Gly	Glu	Thr	Asp	Lys	His	Trp
			20					25					30		
Arg	His	Arg	Arg	Asp	Phe	Leu	Leu	Arg	Asn	Ala	Gly	Asp	Leu	Ala	Pro
		35					40					45			
Ala	Gly	Gly	Ala	Ala	Ser	Ala	Ser	Thr	Asp	Glu	Ala	Ala	Asp	Ala	Glu
	50					55					60				
Ser	Gly	Thr	Arg	Asn	Arg	Gln	Leu	Gln	Gln	Leu	Ile	Ser	Phe	Ser	Met
65				70					75				80		
Ala	Trp	Ala	Asn	His	Val	Phe	Leu	Gly	Cys	Arg	Tyr	Pro	Gln	Lys	Val
			85						90				95		
Met	Asp	Lys	Ile	Leu	Ser	Met	Ala	Glu	Gly	Ile	Lys	Val	Thr	Asp	Ala
		100						105				110			
Pro	Thr	Tyr	Thr	Thr	Arg	Asp	Glu	Leu	Val	Ala	Lys	Val	Lys	Lys	Arg
	115						120					125			
Gly	Ile	Ser	Ser	Ser	Asn	Glu	Gly	Val	Glu	Glu	Pro	Ser	Lys	Lys	Arg
	130					135					140				
Val	Ile	Glu	Gly	Lys	Asn	Ser	Ser	Ala	Val	Glu	Gln	Asp	His	Ala	Lys

145	150	155	160
Thr Ser Ala Lys Thr Glu Arg Ala Ser Ala Gln Gln Glu Asn Ser Ser			
165	170	175	
Thr Cys Ile Gly Ser Ala Ile Lys Ser Glu Ser Gly Asn Ser Ala Arg			
180	185	190	
Ser Ser Gly Ile Ser Ser Gln Asn Ser Ser Thr Ser Asp Gly Asp Arg			
195	200	205	
Ser Val Ser Ser Gln Ser Ser Ser Ser Val Ser Ser Gln Val Thr Thr			
210	215	220	
Ala Gly Ser Gly Lys Ala Ser Glu Ala Glu Ala Pro Asp Lys His Gly			
225	230	235	240
Ser Ser Phe Val Ser Leu Leu Lys Ser Ser Val Asn Ser His Met Thr			
245	250	255	
Gln Ser Thr Asp Ser Arg Gln Gln Ser Gly Ser Pro Lys Lys Ser Ala			
260	265	270	
Leu Glu Gly Ser Ser Ala Ser Ala Ser Arg Ser Ser Ser Glu Ile Glu			
275	280	285	
Val Pro Leu Leu Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Val Glu Leu Pro Leu			
290	295	300	
Leu Ser Ser Lys Pro Ser Ser Glu Thr Ala Ser Ser Gly Leu Thr Ser			
305	310	315	320
Lys Thr Ser Ser Glu Ala Ser Val Ser Ser Ser Val Ala Lys Asn Ser			
325	330	335	
Ser Ser Ser Gly Thr Ser Leu Leu Thr Pro Lys Ser Ser Ser Ser Thr			
340	345	350	
Asn Thr Ser Leu Leu Thr Ser Lys Ser Thr Ser Gln Val Ala Ala Ser			
355	360	365	
Leu Leu Ala Ser Lys Ser Ser Ser Gln Thr Ser Gly Ser Leu Val Ser			
370	375	380	

Lys Ser Thr Ser Leu Ala Ser Val Ser Gln Leu Ala Ser Lys Ser Ser
 385 390 395 400
 Ser Gln Thr Ser Thr Ser Gln Leu Pro Ser Lys Ser Thr Ser Gln Ser
 405 410 415
 Ser Glu Ser Ser Val Lys Phe Ser Cys Lys Leu Thr Asn Glu Asp Val
 420 425 430
 Lys Gln Lys Gln Pro Phe Phe Asn Arg Leu Tyr Lys Thr Val Ala Trp
 435 440 445
 Lys Leu Val Ala Val Gly Gly Phe Ser Pro Asn Val Asn His Gly Glu
 450 455 460
 Leu Leu Asn Ala Ala Ile Glu Ala Leu Lys Ala Thr Leu Asp Val Phe
 465 470 475 480
 Phe Val Pro Leu Lys Glu Leu Ala Asp Leu Pro Gln Asn Lys Ser Ser
 485 490 495
 Gln Glu Ser Ile Val Cys Glu Leu Arg Cys Lys Ser Val Tyr Leu Gly
 500 505 510
 Thr Gly Cys Gly Lys Ser Lys Glu Asn Ala Lys Ala Val Ala Ser Arg
 515 520 525
 Glu Ala Leu Lys Leu Phe Leu Lys Lys Lys Val Val Val Lys Ile Cys
 530 535 540
 Lys Arg Lys Tyr Arg Gly Ser Glu Ile Glu Asp Leu Val Leu Leu Asp
 545 550 555 560
 Glu Glu Ser Arg Pro Val Asn Leu Pro Pro Ala Leu Lys His Pro Gln
 565 570 575
 Glu Leu Leu

<211> 1810

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (39)..(1121)

<400> 19

gcacgtgcgc aggggtgtgg aaacttaccg gctgagcc atg gat aca ccg tta agg 56

Met Asp Thr Pro Leu Arg

1

5

cgc agc cga cgg ctg gga ggc cta agg ccc gaa tcc ccc gag agc ctc 104

Arg Ser Arg Arg Leu Gly Gly Leu Arg Pro Glu Ser Pro Glu Ser Leu

10

15

20

acc tca gtt tcg cgg acg aga cgg gcc ctt gtg gag ttc gag tcg aac 152

Thr Ser Val Ser Arg Thr Arg Arg Ala Leu Val Glu Phe Glu Ser Asn

25

30

35

cca gaa gaa acg agg gag ccc ggg tct cct ccg agt gtg cag cgg gct 200

Pro Glu Glu Thr Arg Glu Pro Gly Ser Pro Pro Ser Val Gln Arg Ala

40

45

50

ggc ctg ggg tcc ccc gaa agg ccg ccg aag aca agc cca gga tca ccc 248

Gly Leu Gly Ser Pro Glu Arg Pro Pro Lys Thr Ser Pro Gly Ser Pro

55

60

65

70

cgt ctg cag cag ggt gca ggc ttg gag tca ccc caa ggg cag cca gag 296
Arg Leu Gln Gln Gly Ala Gly Leu Glu Ser Pro Gln Gly Gln Pro Glu

75 80 85

cca ggc gca gcg tcc ccc cag cgt cag caa gac cta cac ctg gag tcg 344
Pro Gly Ala Ala Ser Pro Gln Arg Gln Gln Asp Leu His Leu Glu Ser

90 95 100

cct caa aga cag cca gag tac agt cct gaa tcc cca cga tgt cag ccg 392
Pro Gln Arg Gln Pro Glu Tyr Ser Pro Glu Ser Pro Arg Cys Gln Pro

105 110 115

aag cca agt gag gag gca cca aag tgt tct cag gac cag gga gta ctg 440
Lys Pro Ser Glu Glu Ala Pro Lys Cys Ser Gln Asp Gln Gly Val Leu

120 125 130

gcc tcg gag ttg gcc cag aat aag gag gag ctg acc ccg ggg gcc ccc 488
Ala Ser Glu Leu Ala Gln Asn Lys Glu Glu Leu Thr Pro Gly Ala Pro

135 140 145 150

cag cat cag cta ccg ccg gtc cca gga tca cca gag cct tac ccc ggt 536
Gln His Gln Leu Pro Pro Val Pro Gly Ser Pro Glu Pro Tyr Pro Gly

155 160 165

cag caa gct ccc ggt ccg gag ccc tct cag cca cta ctg gag ctg aca 584
Gln Gln Ala Pro Gly Pro Glu Pro Ser Gln Pro Leu Leu Glu Leu Thr

170 175 180

ccc agg gca cct ggc tcc ccc cgg ggt cag cat gag ccg agc aag cca 632

Pro Arg Ala Pro Gly Ser Pro Arg Gly Gln His Glu Pro Ser Lys Pro
185 190 195

cct cca gct ggg gag acg gtg aca ggc ggc ttc ggg gca aag aag cga 680
Pro Pro Ala Gly Glu Thr Val Thr Gly Gly Phe Gly Ala Lys Lys Arg
200 205 210

aaa ggt tct tca tcc cag gcc cca gcg tcc aag aag ttg aat aaa gag 728
Lys Gly Ser Ser Ser Gln Ala Pro Ala Ser Lys Lys Leu Asn Lys Glu
215 220 225 230

gag ctt cct gta atc ccg aag ggg aag ccc aaa tcg ggg cga gtg tgg 776
Glu Leu Pro Val Ile Pro Lys Gly Lys Pro Lys Ser Gly Arg Val Trp
235 240 245

aag gac cgc tcc aag aaa aga ttc tcc cag atg ctt cag gac aag ccc 824
Lys Asp Arg Ser Lys Lys Arg Phe Ser Gln Met Leu Gln Asp Lys Pro
250 255 260

ctg cgc aca tcg tgg cag cgg aag atg aag gaa cga cag gag agg aag 872
Leu Arg Thr Ser Trp Gln Arg Lys Met Lys Glu Arg Gln Glu Arg Lys
265 270 275

ctg gcc aag gac ttt gcc cgt cac ctg gag gag gag aag gag agg cgc 920
Leu Ala Lys Asp Phe Ala Arg His Leu Glu Glu Glu Lys Glu Arg Arg
280 285 290

cgc cag gag aag aaa cag cgc cgg gct gag aac ctg aaa cgc cgc ctg 968
Arg Gln Glu Lys Lys Gln Arg Arg Ala Glu Asn Leu Lys Arg Arg Leu

295	300	305	310	
gag aat gag cgg aag gca gag gtc gtc caa gtg atc cga aac ccc gcc				1016
Glu Asn Glu Arg Lys Ala Glu Val Val Gln Val Ile Arg Asn Pro Ala				
	315	320	325	
aag ctc aag cgg gca aag aag aag cag ctg cgc tcc att gag aag cgg				1064
Lys Leu Lys Arg Ala Lys Lys Lys Gln Leu Arg Ser Ile Glu Lys Arg				
	330	335	340	
gac acc ctg gcc ctg ctg cag aag cag ccg ccc cag cag ccg gca gcc				1112
Asp Thr Leu Ala Leu Leu Gln Lys Gln Pro Pro Gln Gln Pro Ala Ala				
	345	350	355	
aag atc tga gctcaggacg gcccagggcc ttccatggcc aacaaccatg				1161
Lys Ile				
	360			
tcagacacag cacctcaggc cgctgctcag atgcctctgc tggagctggc actccaaacc				1221
catggctcca gaacaggac ccccaccccg accggggctc ctcagccttt gaaggcttcc				1281
aggcaggctc gtgtgggaca gaagccaaaa gggtcctggg acctggcaga gatgggggcg				1341
ggaagagatt cagctccat ccttccttcc tctccttctc caagtgcctt caaaccaaga				1401
actgtacatt cttctggttc ctcagtgagc tggtgactgg caggtgactc cctcagcagt				1461
gtatgccctt tctcagcatc ctaggtccat cccaggcctg gaggtgaca gttgggaatc				1521

cagcttcccc cacaccttcc caaaggctgc tctgagcacc tccacacccc actgcctctg 1581

tccccagcaa actgaatccg gttcctctcc acttttcaat actgaaagat taaaatgggg 1641

aggttgcagg gagcagagct tttccctagc acccactttc ccaaaccagt ctctgcagaa 1701

gccccagaga atctaactca tgcctgtcca gtctacagca aaaatatitta ttgagtgcct 1761

gttgcataca ggcacaatcc taggcactgg caaatacaga caatagacc 1810

<210> 20

<211> 360

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 20

Met	Asp	Thr	Pro	Leu	Arg	Arg	Ser	Arg	Arg	Leu	Gly	Gly	Leu	Arg	Pro
1				5				10					15		
Glu	Ser	Pro	Glu	Ser	Leu	Thr	Ser	Val	Ser	Arg	Thr	Arg	Arg	Ala	Leu
			20					25					30		
Val	Glu	Phe	Glu	Ser	Asn	Pro	Glu	Glu	Thr	Arg	Glu	Pro	Gly	Ser	Pro
		35					40					45			
Pro	Ser	Val	Gln	Arg	Ala	Gly	Leu	Gly	Ser	Pro	Glu	Arg	Pro	Pro	Lys
		50					55				60				
Thr	Ser	Pro	Gly	Ser	Pro	Arg	Leu	Gln	Gln	Gly	Ala	Gly	Leu	Glu	Ser
65					70					75				80	
Pro	Gln	Gly	Gln	Pro	Glu	Pro	Gly	Ala	Ala	Ser	Pro	Gln	Arg	Gln	Gln

85	90	95
Asp Leu His Leu Glu Ser Pro Gln Arg Gln Pro Glu Tyr Ser Pro Glu		
100	105	110
Ser Pro Arg Cys Gln Pro Lys Pro Ser Glu Glu Ala Pro Lys Cys Ser		
115	120	125
Gln Asp Gln Gly Val Leu Ala Ser Glu Leu Ala Gln Asn Lys Glu Glu		
130	135	140
Leu Thr Pro Gly Ala Pro Gln His Gln Leu Pro Pro Val Pro Gly Ser		
145	150	155
Pro Glu Pro Tyr Pro Gly Gln Gln Ala Pro Gly Pro Glu Pro Ser Gln		
165	170	175
Pro Leu Leu Glu Leu Thr Pro Arg Ala Pro Gly Ser Pro Arg Gly Gln		
180	185	190
His Glu Pro Ser Lys Pro Pro Pro Ala Gly Glu Thr Val Thr Gly Gly		
195	200	205
Phe Gly Ala Lys Lys Arg Lys Gly Ser Ser Ser Gln Ala Pro Ala Ser		
210	215	220
Lys Lys Leu Asn Lys Glu Glu Leu Pro Val Ile Pro Lys Gly Lys Pro		
225	230	235
Lys Ser Gly Arg Val Trp Lys Asp Arg Ser Lys Lys Arg Phe Ser Gln		
245	250	255
Met Leu Gln Asp Lys Pro Leu Arg Thr Ser Trp Gln Arg Lys Met Lys		
260	265	270
Glu Arg Gln Glu Arg Lys Leu Ala Lys Asp Phe Ala Arg His Leu Glu		
275	280	285
Glu Glu Lys Glu Arg Arg Arg Gln Glu Lys Lys Gln Arg Arg Ala Glu		
290	295	300
Asn Leu Lys Arg Arg Leu Glu Asn Glu Arg Lys Ala Glu Val Val Gln		
305	310	315
		320

Val	Ile	Arg	Asn	Pro	Ala	Lys	Leu	Lys	Arg	Ala	Lys	Lys	Lys	Gln	Leu
				325					330					335	
Arg	Ser	Ile	Glu	Lys	Arg	Asp	Thr	Leu	Ala	Leu	Leu	Gln	Lys	Gln	Pro
				340				345						350	
Pro	Gln	Gln	Pro	Ala	Ala	Lys	Ile								
				355				360							

【図面の簡単な説明】

【図 1】

クローン HP 0 3 0 9 0 がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質 3 2 . 0 k D a のアミノ酸配列を比較した図である。

【図 2】

クローン HP 0 3 1 4 5 がコードするヒト蛋白質と、分裂酵母ミトコンドリアパラヒドロキシベンゾエートポリプレニルトランスフェラーゼ様蛋白質のアミノ酸配列を比較した図である。

【図 3】

クローン HP 0 3 1 8 5 がコードするヒト蛋白質と、ヒトヒストンマクロ H 2 A 1 . 2 のアミノ酸配列を比較した図である。

【図 4】

クローン HP 0 3 3 2 4 がコードするヒト蛋白質と、細菌リボソーム蛋白質 L 2 のアミノ酸配列を比較した図である。

【図 5】

クローン HP 1 0 6 4 8 がコードするヒト蛋白質と、線虫仮想蛋白質 Y 4 0 B 1 B . 7 のアミノ酸配列を比較した図である。

【图2】

HP03145 355' EKKTDKTKGKGIENKIEN

【図 3】

HP03185 1' MSGRSGKKKMSKLSRSARAGVIFPVGRMLRYLKKGTFFKYRISVGAPVYMAAVIEYLA AEI
 .*.*. * ****.*****.***.*** ****.*****.***.***
 MH2A1.2 1" MSSRGGKKKSTKTSRSKAGVIFPVGRMLRYIKKGHPKYRIGVGAPVYMAAVLEYLTA EI
 HP03185 61' LELAGNAARDNKKARIAPRHILLAVANDEELNQLLKGVTIAGGGVLPRIHPPELLAKRRGT
 *****.*.*****.*****.*****.*****.*****.
 MH2A1.2 61" LELAGNAARDNKKGRVTPRHILLAVANDEELNQLLKGVTIAGGGVLPNIHPPELLAKRRGS
 HP03185 121' KGKSETILSPPEKRGKATSGKKGGKKSKAAKPRTSKKSKPKDSDKEGTSNSTSEDGPG
 .*..*.***.*.***.*.***.*.***.*.***.*.***.*.***.
 MH2A1.2 121" KGKLEAIITPPPAKKA KSPSQKKPVSKKAGKKGARKSKKKQGEVSKAASADSTTEGTPA
 HP03185 181' DGFTILSSKSLVLGQKLSLTQSDISHIGSMRVEGIVHPTTAEIDLKEDIGKALEKAGGKE
 ****.*.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***
 MH2A1.2 181" DGFTVLSTKSLFLGQKLNLIHSEISNLAGFEVEAIINPTNADIDPKDDLGNLTLEKKGGKE
 HP03185 241' FLETVKELRKSGGLEVAEAAVSQSSGLAAKFVHCHIPQWGS DKCEEQLEETIKNCLSA
 ..***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***
 MH2A1.2 241" FVEAVLELRKKNGPLEVAGAAVSAGHGLPAKFVIHCNSPVWGADKCEELLEKT VKNCLAL
 HP03185 301' AEDKKLKSVAFFPPPSGRNCFPKQTAAQVTLKAISAHFDSSASSLKNVYFLFDSESIG
 *.*****.***.. ***.*****.***.***.***.***.***.***.***.***.***
 MH2A1.2 301" ADDKKLKSIAFP SIGSRNGFPKQTAAQLILKAISSYFVSTMSSSIKTVYFVLF DSESIG
 HP03185 361' IYVQEMAKLDAK
 *****.
 MH2A1.2 361" IYVQEMAKLDAN

【図5】

HP10648 181' LTPRAPGSPRGQHEPSKPPFAGETVTGGFAGAKKRGSSSQAPASKLNKEELPVIPKGP
CEY40B1B 1"

HP10648 241' KSGRVWKDRSKRFSQMLQDKPLRTSWQKMKERQERKLAKDFARHLEEEKERRRQEKQ
CEY40B1B 15" KSNRWKTKQEKKHSEIKKVKTLKSTWDKMKELKAKDMVKRVQDNIREKQVQERQEKKE
HP10648 301' RRAENLKRRLENERKAEEVVQVIRNPAKLKRAKKQLRSIEKRDYLLQKPPQPAKI
CEY40B1B 75" RKVEQEKRRLENERKAEEIVQKITKIHKLKTKKRQLRSIQMRDITQVTK

MSTGANLLVMNDTC

【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 精製ヒト蛋白質、この蛋白質をコードしている完全長 cDNA を含む DNA 断片、この DNA 断片の発現ベクター、この発現ベクターによる形質転換細胞およびこの蛋白質に対する抗体を提供する。

【解決手段】 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18 または 20 のいずれかのアミノ酸配列を有する精製ヒト蛋白質、配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17 または 19 の翻訳領域の塩基配列を有する DNA 断片、この DNA 断片の発現ベクター、この発現ベクターによる形質転換細胞、およびこの蛋白質に対する抗体。

【選択図】 なし

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [396020800]

1. 変更年月日 1998年 2月24日
[変更理由] 名称変更
住 所 埼玉県川口市本町4丁目1番8号
氏 名 科学技術振興事業団

